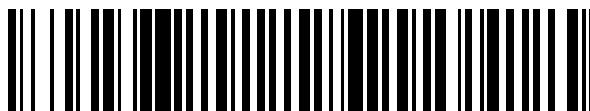


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 400 276**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

C12P 7/64 (2006.01)

C12N 9/12 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **30.01.2007 E 07710401 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **03.10.2012 EP 1981973**

54 Título: **Fosfopanteteinil transferasas de bacterias**

30 Prioridad:

31.01.2006 US 763644 P

29.01.2007 US 668354

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

08.04.2013

73 Titular/es:

**MONSANTO TECHNOLOGY, LLC (100.0%)
800 NORTH LINDBERGH BOULEVARD
ST. LOUIS, MO 63167, US**

72 Inventor/es:

**VALENTIN, HENRY;
PENG, JIEXIN y
SCREEN, STEVEN**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 400 276 T3

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

DESCRIPCIÓN

Fosfopanteteinil transferasas de bacterias

Antecedentes de la invención**Campo de la invención**

- 5 La invención se refiere en general a fosfopanteteinil transferasas que están implicadas en la activación de una poliquétido sintasa para sintetizar ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga (tales como ácido docosahexaenoico y ácido eicosapentaenoico).

Descripción de la técnica relacionada

- 10 Los productos principales de la biosíntesis de ácidos grasos en la mayoría de los organismos son compuestos de 16 y 18 carbonos. La relación relativa de longitudes de cadena y grado de insaturación de estos ácidos grasos varía ampliamente entre especies. Los mamíferos, por ejemplo, producen principalmente ácidos grasos saturados y monoinsaturados, mientras que la mayoría de las plantas superiores producen ácidos grasos con uno, dos o tres dobles enlaces, comprendiendo los dos últimos ácidos grasos poliinsaturados (PUFA). Los PUFA de cadena muy larga tales como ácido docosahexaenoico (DHA, 22:6) y ácido eicosapentaenoico (EPA, 20:5) se han notificado a partir de varias especies de bacterias marinas, incluyendo *Moritella (Vibrio) marina* y *Shewanella sp.* (patente de los Estados Unidos 6.140.486) y a partir de algas marinas tales como *Schizochytrium sp.* y *Thraustochytrium sp.* (publicación de patente de los Estados Unidos 20040235127).

- 20 Dos familias principales de PUFA son los ácidos grasos omega-3 (también representados como ácidos grasos "n-3"), mostrados a modo de ejemplo por el ácido docosahexaenoico y los ácidos grasos omega-6 (también representados como ácidos grasos "n-6"), mostrados a modo de ejemplo por ácido araquidónico (ARA, 20:4). Los PUFA son componentes importantes de la membrana plasmática de la célula y el tejido adiposo, en los que pueden encontrarse en fosfolípidos y triglicéridos, respectivamente. Los PUFA son necesarios para el desarrollo apropiado en los mamíferos, particularmente en el cerebro en desarrollo de los niños, y para la formación y reparación tisular.

- 25 Varios trastornos responden al tratamiento con PUFA. Se ha demostrado que la complementación con PUFA reduce la tasa de reestenosis después de una angioplastia. Los beneficios para la salud de ciertos ácidos grasos omega-3 alimenticios para la enfermedad cardiovascular y artritis reumatoide también se han documentado ampliamente (Simopoulos, 1997; James y col., 2000). Además, los PUFA se han sugerido para su uso en tratamientos para el asma y la psoriasis. La evidencia indica que los PUFA pueden estar implicados en el metabolismo del calcio, lo que sugiere que los PUFA pueden ser útiles en el tratamiento o la prevención de la osteoporosis y de piedras del riñón o de las vías urinarias.

- 35 La mayor parte de la evidencia para los beneficios para la salud se aplica a las grasa omega-3 de cadena larga, EPA y DHA, que se encuentran en el pescado y el aceite de pescado. Con esta base de evidencia, las autoridades sanitarias y los nutricionistas de Canadá (Scientific Review Committee, 1990, Nutrition Recommendations, Minister of National Health and Welfare, Canadá, Ottawa), Europa (de Deckerer y col., 1998), el 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, Londres), y los Estados Unidos (Simopoulos y col., 1999) han recomendado un aumento en el consumo alimenticio de estos PUFA.

- 40 Los principales PUFA de cadena larga de importancia incluyen DHA y EPA, que se encuentran principalmente en diferentes tipos de aceite de pescado, y ARA, que se hallan en hongos filamentosos tales como *Mortierella*. Para DHA, existen varias fuentes para la producción comercial que incluyen una variedad de organismos marinos, los aceites a partir de pescado marino de agua fría, y fracciones de yema de huevo. Sin embargo, hay graves desventajas asociadas con la producción comercial de los PUFA a partir de fuentes naturales. Las fuentes naturales de PUFA, tales como animales y hongos, tienden a tener composiciones de aceite altamente heterogéneas. Los aceites obtenidos a partir de estas fuentes pueden requerir por lo tanto una purificación extensiva para separar uno o más PUFA deseados o para producir un aceite que está enriquecido en uno o más PUFA.

- 50 Las fuentes naturales de PUFA se someten también a fluctuaciones controlables en disponibilidad. Las reservas de pescado pueden experimentar una variación natural o pueden agotarse por sobrepesca. Además, incluso con una evidencia abrumadora de sus beneficios terapéuticos, las recomendaciones alimenticias con respecto a los ácidos grasos omega-3 no han sido atendidas. Los aceites de pescado tiene sabores y olores desagradables, que pueden ser imposibles de separar de manera económica del producto deseado, y pueden hacer que tales productos sean inaceptables como complementos alimenticios. Los aceites animales, y particularmente los aceites de pescado, pueden acumular contaminantes ambientales. Los alimentos pueden estar enriquecidos con aceites de pescado pero, de nuevo, tal enriquecimiento es problemático debido al coste y a la disminución de las reservas de pescado a nivel mundial. Este problema es también un impedimento para el consumo y la toma de un pescado entero. No obstante, si las comunidades adoptaran los mensajes sanitarios para aumentar el consumo de pescado, existiría un problema a la hora de satisfacer la demanda de pescado. Además, existen problemas con la sostenibilidad de esta industria, lo que se basa enormemente en reservas naturales de pescado para pienso de acuicultura (Naylor y col.,

2000).

Otras limitaciones naturales favorecen un enfoque novedoso para la producción de ácidos grasos omega-3. Las condiciones climáticas y la enfermedad pueden provocar una fluctuación en las producciones de pescado. La fermentación a gran escala de organismos tales como *Mortierella* es cara. Los tejidos animales naturales contienen bajas cantidades de ARA y son difíciles de procesar. Microorganismos tales como *Porphyridium* y *Mortierella* son difíciles de cultivar a escala comercial.

Varios microorganismos marinos producen PUFA de cadena muy larga tales como DHA y EPA mediante un mecanismo de poliquétido sintasa (PKS). Las PKS son complejos enzimáticos compuestos por polipéptidos multifuncionales que catalizan la síntesis de moléculas complejas a partir de sustratos simples de manera iterativa. Las PKS se conocen bien en la técnica y pueden hallarse numerosos ejemplos de tales secuencias en la bibliografía. En *Moritella marina*, una PKS sintetiza DHA a partir de malonil-CoA y acetil-CoA. Para activar esta PKS, se requiere una fosfopanteteinil transferasa.

Las fosfopanteteinil transferasas (Ppt) catalizan la activación postraduccional de proteínas portadoras, ácido graso sintasas, poliquétido sintasas, y polipéptido sintetasas no ribosómicas mediante la unión covalente del resto de 4'-fosfopanteteína de coenzima A a un residuo de serina conservado, una reacción que se requiere para la biosíntesis de productos naturales incluyendo ácidos grasos, poliquétidos, y péptidos no ribosómicos. Las Ppt se han clasificado según su especificidad de proteína portadora. En organismos que contienen rutas que requieren múltiples fosfopanteteínas, se ha sugerido que cada ruta tiene su propia Ppt. Aunque la PKS de *M. marina* se ha clonado (patente de los Estados Unidos N.º 6,140,486 (Facciotti y col.)), no se halló la Ppt. Allen y Bartlett (2002) afirmaron que no pudieron clonar un gen de Ppt a partir de *Moritella*.

Se han intentado varios enfoques para la producción de DHA y EPA en plantas (documento WO05103253A1 (Singh y col.), documento WO04071467A2 (Kinney y col.)). Estos enfoques tenían en común el uso por etapas de desaturasas/elongasas. Este enfoque tiene la desventaja de usar 6-8 genes y lleva a la acumulación de productos intermedios, un resultado potencialmente indeseable. Usando un enfoque de PKS/Ppt, el número de transgenes requerido sería menor (4-5) y no se espera la acumulación de productos intermedios.

Por tanto, sería ventajoso obtener material genético implicado en la biosíntesis de PUPA de cadena larga y expresar el material aislado en un sistema vegetal, en particular, un sistema vegetal de cultivo terrestre con base de tierra, que puede manipularse para proporcionar una producción de cantidades comerciales de uno o más PUFA. Existe también una necesidad de aumentar el consumo de ácidos grasos omega-3 en seres humanos y animales. Por lo tanto existe una necesidad de proporcionar una amplia gama de alimentos enriquecidos en omega 3 y complementos alimenticios de modo que los sujetos puedan elegir pienso, ingredientes de pienso, alimento e ingredientes de alimento que se adecuen a sus hábitos alimenticios habituales. Particularmente ventajosos serían aceites de semillas con DHA o EPA aumentados.

Actualmente existe sólo un ácido graso omega-3, ALA, disponible en los aceites vegetales. Sin embargo, hay una mala conversión del ALA ingerido en ácidos grasos omega-3 de cadena larga tales como EPA y DHA. Se ha demostrado, en la publicación estadounidense en tramitación junto con la presente N.º 20040039058 para "Tratamiento y prevención de trastornos inflamatorios", que elevar el consumo de ALA desde el promedio de la comunidad de 1 g/día hasta 14 g/día mediante el uso de aceite de linaza sólo aumentaba con moderación los niveles de EPA de fosfolípidos en plasma. Un aumento de 14 veces en el consumo de ALA daba como resultado un aumento de 2 veces en EPA de fosfolípidos en plasma (Manzioris y col., 1994). Por tanto, con ese fin, existe una necesidad de una producción de PUFA eficaz y comercialmente viable usando un complejo de síntesis de poliquétido y las Ppt que activan el complejo, genes que codifican para la Ppt, y procedimientos recombinantes de su producción. Por lo tanto, existe una necesidad de aceites que contienen mayores proporciones relativas de DHA o EPA, y composiciones y complementos alimenticios que los contienen. Por lo tanto existe una necesidad de procedimientos fiables y económicos de producción de PUFA específicos. Los aceites derivados de cultivos de semillas de aceite tales como canola, soja, maíz, girasol o linaza, que expresan un complejo de PKS bacteriano, están enriquecidos en un PUFA de cadena larga, DHA o EPA. Tales aceites pueden usarse para producir alimentos y complementos alimenticios enriquecidos en ácidos grasos omega-3 y el consumo de tales alimentos aumenta de manera eficaz los niveles tisulares de EPA y DHA. Alimentos y productos alimenticios, tales como la leche, margarina y embutidos, todos fabricados o preparados con aceites enriquecidos en omega-3, darán como resultado beneficios terapéuticos. Por tanto, existe una gran necesidad de ácidos nucleicos novedosos de fosfopanteteinil transferasas que puedan activar PKS para su uso en plantas de cultivo transgénicas con aceites enriquecidos en PUFA, así como los aceites mejorados producidos de ese modo.

Sumario de la invención

En un aspecto, la invención proporciona ácidos nucleicos aislados que codifican para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa. Éstos pueden usarse para transformar células o modificar la composición de ácido graso de una planta o el aceite producido por una planta. Una realización de la invención es una secuencia de polinucleótido aislado seleccionada del grupo que consiste en (a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C; (b) un

polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7. En ciertas realizaciones adicionales de la invención, los polinucleótidos codifican para un polipéptido que tiene al menos un 80 %, un 85 % o un 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7, incluyendo al menos aproximadamente un 82 %, un 87 %, un 89 %, un 92 %, un 95 %, un 98 % y un 99 % de identidad con estas secuencias. Los expertos en la técnica reconocerán que, en cuanto a que estas secuencias están relacionadas, un polipéptido dado puede compartir simultáneamente un 90 % o mayor de homología con más de una de estas secuencias de polipéptido. En una realización adicional, el polipéptido codificado tiene actividad fosfopanteteinil transferasa.

Aún en otro aspecto más, la invención proporciona un constructo de ADN que comprende un promotor heterólogo operativamente unido con una molécula de ADN que codifica para un polipéptido que tiene actividad fosfopanteteinil transferasa, en el que la molécula de ADN se selecciona de el grupo que consiste en: (a) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; (b) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C; y (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7. En otras realizaciones, el promotor es funcional en una célula procariota o una célula eucariota. En ciertas realizaciones, la célula eucariota en la que el promotor es funcional es una célula vegetal. En una realización adicional, el promotor es un promotor potenciado en semillas.

Aún todavía más en otro aspecto, la invención proporciona una célula huésped transformada con un constructo de ADN que comprende un promotor heterólogo operativamente unido con una molécula de ADN que codifica para un polipéptido que tiene actividad fosfopanteteinil transferasa proporcionado por la invención. En otra realización, la célula huésped comprende además un promotor heterólogo operativamente unido con una molécula de ADN que codifica para un polipéptido de poliquétido sintasa que comprende un sitio de unión a fosfopanteteína. En una realización adicional, la molécula de ADN que codifica para un polipéptido de poliquétido sintasa que comprende un sitio de unión a fosfopanteteína es de *Moritella marina*. Aún en otra realización, la molécula de ADN codifica para un polipéptido de poliquétido sintasa con al menos un 70 % de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 19, o cualquier poliquétido sintasa conocida tal como se describe a continuación en el presente documento. La célula huésped puede ser una célula vegetal, fúngica o bacteriana.

Aún todavía más en otro aspecto, la invención proporciona una planta y su progenie compuesta por las células huésped transformadas con un constructo de ADN que comprende un promotor heterólogo operativamente unido con una molécula de ADN que codifica para un polipéptido que tiene actividad fosfopanteteinil transferasa proporcionado en el presente documento. Una planta de este tipo puede definirse porque comprende un metabolismo de ácidos grasos alterado con respecto a una planta del mismo genotipo que carece del constructo de ADN. En una realización, la planta se selecciona del grupo que consiste en canola, *Brassica campestris*, colza, nabina, soja, crambe, mostaza, semilla de ricino, cacahuete, sésamo, semilla de algodón, semilla de lino, cártamo, palma de aceite, linaza, girasol, maíz, arroz, cebada, mijo, centeno, trigo, avena, alfalfa y sorgo. La invención proporciona también semilla, aceite y sémola producidos a partir de la planta, que se define porque comprende una molécula de ADN detectable o polipéptido proporcionado por la invención. Adicionalmente, la invención proporciona composiciones de pienso para animales y alimento para seres humanos.

Aún todavía más en otro aspecto, la invención proporciona un procedimiento de preparación de un aceite vegetal que contiene ácido docosahexaenoico y/o ácido eicosapentaenoico que comprende las etapas de (a) cultivar una planta que comprende la célula huésped de la invención que comprende además una poliquétido sintasa; (b) producir semilla; (c) y procesar la semilla para obtener aceite.

Breve descripción de las figuras

Los siguientes dibujos forman parte de la presente memoria descriptiva y se incluyen para demostrar adicionalmente ciertos aspectos de la presente invención. La invención puede entenderse mejor mediante referencia a uno o más de estos dibujos en combinación con la descripción detallada de realizaciones específicas representadas en el presente documento.

La figura 1 muestra un mapa del vector pMON68081.

La figura 2 muestra un mapa del vector pMON68080.

La figura 3 muestra un mapa del vector pMON94547.

La figura 4 muestra un mapa del vector pMON94544.

La figura 5 muestra un mapa del vector pMON94534.

La figura 6 muestra un mapa del vector pMON68084.

La figura 7 muestra un mapa del vector pMON68085.

La figura 8 muestra un mapa del vector pMON97063.

La figura 9 muestra un mapa del vector pMON94563.

La figura 10 muestra un mapa del vector pMON97066.

5 La figura 11 muestra un mapa del vector pMON96401.

La figura 12 muestra un mapa del vector pMON78528.

Descripción detallada de la invención

10 La invención supera las limitaciones de la técnica anterior proporcionando procedimientos y composiciones para la creación de plantas con un contenido en DHA y/o EPA mejorado. La modificación del contenido en ácido graso de un organismo tal como una planta presenta muchas ventajas, incluyendo una mejora en la nutrición y en los beneficios para la salud. La modificación del contenido en ácido graso puede usarse para lograr niveles beneficiosos de DHA y/o EPA en plantas, partes de planta, y productos vegetales, incluyendo aceites de semilla vegetal así como bacterias y hongos. Por ejemplo, cuando se produce DHA en el tejido de semilla de una planta, el aceite puede aislarse a partir de las semillas, dando como resultado normalmente un aceite que contiene DHA, que puede usarse a su vez para proporcionar características beneficiosas en productos alimenticios y otros productos.

15 Varios aspectos de la invención incluyen procedimientos y composiciones para la modificación de contenido en PUFA de una célula, por ejemplo, la modificación del contenido en PUPA de una célula o células vegetal(es). Las composiciones relacionadas con la invención incluyen secuencias de polinucleótido aislado novedosas, constructos de ADN y plantas y/o partes de planta transformadas mediante polinucleótidos de la invención. Pueden manipularse células huésped para expresar un polinucleótido que codificar para polipéptido de fosfopanteteinil transferasa que cataliza la panteteinilación de un sitio de unión a fosfopanteteína de otro polipéptido.

20 Las siguientes definiciones se proporcionan como una ayuda para entender esta invención. Las expresiones "secuencia de ADN", "secuencia de ácido nucleico", "molécula de ácido nucleico", y "segmento de ácido nucleico" se refieren a una estructura física que comprende una disposición ordenada de nucleótidos. La secuencia, segmento de ADN, o secuencia de nucleótidos puede estar contenida dentro de una molécula de nucleótidos más grande, vector, o similar. Además, la disposición ordenada de ácidos nucleicos en estas secuencias puede representarse en forma de una lista de secuencias, figura, tabla, medio electrónico o similares.

25 Las expresiones "secuencia codificante", "región codificante", "secuencia estructural", y "secuencia estructural de ácido nucleico" se refieren a todo o un segmento de una secuencia de ADN, secuencia de ácido nucleico, molécula de ácido nucleico en los que los nucleótidos están dispuestos en una serie de tripletes que forman cada uno un codón. Cada codón codifica para un aminoácido específico. Por tanto, la secuencia codificante, región codificante, secuencia estructural y secuencia estructural de ácido nucleico codifican para una serie de aminoácidos que forman una proteína, un polipéptido o una secuencia de péptido. La secuencia codificante, región codificante, secuencia estructural, y secuencia estructural de ácido nucleico pueden estar contenidas dentro de una molécula más grande de ácido nucleico, vector, o similar. Además, la disposición de nucleótidos en estas secuencias puede representarse en forma de una lista de secuencias, figura, tabla, medio electrónico, o similar.

30 El término "ADNc" se refiere a un ADN bicatenario que es complementario a y que se deriva del ARNm.

35 "Expresión" se refiere al proceso mediante el que la información codificada de un gen se convierte en estructuras presentes y que operan en la célula. Los genes expresados incluyen aquéllos que se transcriben en ARN y luego se traducen en proteína y aquéllos que se transcriben en ARN pero no se traducen en proteína (por ejemplo, ARN de transferencia y ARN ribosómico).

40 Tal como se usa en el presente documento, "gen" se refiere a un fragmento de ácido nucleico que expresa una proteína específica, incluyendo secuencias reguladoras que preceden a (secuencias no codificantes en sentido de 5') y que siguen a (secuencias no codificantes en sentido de 3') la secuencia codificante. "Gen nativo" se refiere a un gen tal como se encuentra la naturaleza con sus secuencias reguladoras propias. "Gen quimérico" se refiere a cualquier gen que no es un gen nativo, que comprende secuencias reguladoras y secuencias codificantes que no se encuentran juntas en la naturaleza. Por consiguiente, un gen quimérico puede comprender secuencias reguladoras y secuencias codificantes que se derivan de diferentes fuentes, o secuencias reguladoras y secuencias codificantes derivadas de la misma fuente, pero dispuestas de una manera diferente a la que se encuentran en la naturaleza.

45 "Gen endógeno" se refiere a un gen nativo en su ubicación natural en el genoma de un organismo. Un gen "exógeno" o "transgén" se refieren a un gen que se ha introducido en el genoma mediante un procedimiento de transformación. Un transgén incluye ADN genómico introducido mediante un procedimiento de transformación (por ejemplo, un ADN genómico unido a su promotor activo).

“Heterólogo” se refiere a la relación entre 2 o más secuencias de ácido nucleico o de proteína que se derivan de diferentes fuentes. Por ejemplo, un promotor es heterólogo con respecto a una secuencia codificante si normalmente no se encuentra en la naturaleza una combinación de este tipo. Además, una secuencia de ácido nucleico particular puede ser “heteróloga” con respecto a una célula u organismo en el que se inserta si no se produce de manera natural en una célula o un organismo particular.

“Homología de secuencia” se refiere al nivel de similitud entre 2 o más secuencias de ácido nucleico o de aminoácidos en cuanto al porcentaje de identidad de posición. El término homología se usa también para referirse al concepto de propiedades funcionales similares entre ácidos nucleicos o proteínas diferentes.

“Hibridación” se refiere a la capacidad de una primera hebra de ácido nucleico para unirse con una segunda hebra a través de apareamiento de bases por puentes de hidrógeno cuando las hebras de ácido nucleico tienen una complementariedad de secuencia suficiente. Tal como se usa en el presente documento, se dice que una molécula de ácido nucleico es el “complemento” de otra molécula de ácido nucleico si muestran complementariedad completa. Tal como se usa en el presente documento, se dice que las moléculas presentan “complementariedad completa” cuando cada nucleótido de una de las moléculas es complementario a un nucleótido de la otra. Por lo tanto, se dice que 2 hebras de ácido nucleico tienen suficiente complementariedad cuando pueden hibridar entre sí con estabilidad suficiente para permitirles permanecer hibridadas entre sí en condiciones apropiadas.

Tal como se usa en el presente documento, el término “homología” se refiere al nivel de similitud o el porcentaje de identidad entre secuencias de polinucleótido en cuanto al porcentaje de identidad de posición de nucleótidos, es decir, la similitud o identidad de secuencia. Tal como se usa en el presente documento, el término homología se refiere también al concepto de propiedades funcionales similares entre moléculas de polinucleótido diferentes. Las moléculas de polinucleótido son homólogas cuando en ciertas condiciones hibridan específicamente para formar una molécula doble. En estas condiciones, denominadas condiciones restrictivas, puede usarse una molécula de polinucleótido como sonda o cebador para identificar otras moléculas de polinucleótido que comparten homología. La expresión “condiciones rigurosas” se define funcionalmente con respecto a la hibridación de una sonda de ácido nucleico con un ácido nucleico diana (es decir, con una secuencia de ácido nucleico particular de interés) mediante un procedimiento de hibridación específico, por ejemplo, comentado en *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3ª edición, volúmenes 1, 2, y 3. J. F. Sambrook, D. W. Russell, y N. Irwin, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2000 (Sambrook y *col.*). Por consiguiente, las secuencias de nucleótidos proporcionadas por la invención pueden usarse por su capacidad de formar selectivamente moléculas dobles con tramos complementarios de fragmentos de molécula de polinucleótido. Dependiendo de la aplicación prevista, sería deseable emplear condiciones variables de hibridación para lograr grados variables de selectividad de sonda hacia la secuencia diana. Para aplicaciones que requieren una alta selectividad, sería deseable normalmente emplear condiciones rigurosas relativamente altas para formar los híbridos, por ejemplo, se seleccionarán condiciones de sal relativamente bajas y/o condiciones de temperatura alta, tal como se proporcionan mediante NaCl de aproximadamente 0,02 M a aproximadamente 0,15 M a temperaturas de aproximadamente 50 °C a aproximadamente 70 °C. Una condición rigurosa alta, por ejemplo, es lavar el filtro de hibridación al menos dos veces con tampón de lavado de alta rigurosidad (0,2 x SSC, SDS al 0,1 %, 65 °C). Adicionalmente, puede usarse formamida para aumentar la rigurosidad. Las condiciones de alta rigurosidad por tanto incluyen también 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C. La detección de moléculas de polinucleótido a través de hibridación la conoce bien los expertos en la técnica, y las enseñanzas de la patente de los Estados Unidos N.ºs 4.965.188 y 5.176.995 son ejemplos de los procedimientos de análisis de hibridación.

La expresión “aislado” significa que se ha retirado de su medio natural, independientemente de su disposición eventual. Por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico “aislada” de arroz, tal como mediante clonación a partir de una célula de arroz, queda “aislada” cuando se inserta en el genoma de una célula de maíz.

La expresión “operativamente unido” se refiere a la disposición espacial de dos o más regiones de ácido nucleico o secuencias de ácido nucleico de modo que ejercen sus efectos apropiados uno con respecto a otro. Por ejemplo, una región de promotor puede situarse con respecto a una secuencia de ácido nucleico de modo que la transcripción de la secuencia de ácido nucleico se dirija por la región de promotor. La región de promotor y la secuencia de ácido nucleico están “operativamente unidas.”

La expresión “fosfopanteteinil transferasa o PPT” se refiere a una enzima que cataliza la activación postraduccional de proteínas portadoras, por ejemplo, un polipéptido de una poliquétido sintasa, mediante la unión covalente del resto de 4'-fosfopanteteína de coenzima A a un residuo de serina conservado.

La expresión “poliquétido sintasa” se refiere a un complejo de enzima compuesto por polipéptidos multifuncionales que catalizan la síntesis de moléculas complejas a partir de sustratos simples de una manera iterativa. En *Moritella marina*, un complejo de PKS sintetiza DHA a partir de malonil-CoA y acetil-CoA. Por ejemplo, en *M. marina*, la PKS contiene 4 polipéptidos codificados por los marcos de lectura abiertos Orf5, Orf6, Orf7 y Orf8 (Metz y *col.*, 2001), que se describen como Orf6, Orf7, Orf8, y Orf9 en la patente de los Estados Unidos 6,140,486, respectivamente. Para activar este complejo, se requiere una fosfopanteteinil transferasa para pantetenilar el polipéptido codificado por Orf5. El complejo de PKS de *Shewanella* sp. SCRC2738 sintetiza EPA (Metz y *col.*, 2001).

“En sentido de 5'” y “en sentido de 3'” son expresiones de posición que se usan con referencia a la ubicación de una secuencia de nucleótidos y la dirección de transcripción o traducción de secuencias codificantes, que normalmente avanza en la dirección de 5' a 3'.

5 Las expresiones “promotor” o “región de promotor” se refieren a una secuencia de ácido nucleico, que se encuentra habitualmente en sentido de 5' (en 5') con respecto a una secuencia codificante, que puede dirigir la transcripción de una secuencia de ácido nucleico en una molécula de ARN. El promotor o región de promotor proporciona normalmente a sitio de reconocimiento para ARN polimerasa y los otros factores necesarios para un inicio apropiado de la transcripción. Tal como se contempla en el presente documento, un promotor o región de promotor incluye variaciones de promotores derivados mediante inserción o delección de regiones reguladoras, sometiendo el
10 promotor a mutagénesis al azar o dirigida al sitio, y similares. La actividad o la fuerza de un promotor pueden medirse en cuanto a las cantidades de ARN que produce, o la cantidad de acumulación de proteína en una célula o tejido, con respecto a un segundo promotor que se mide de manera similar.

15 La expresión “secuencias no codificantes en sentido de 3'” se refiere a secuencias de nucleótidos ubicadas en sentido de 3' de una secuencia codificante e incluyen secuencias de reconocimiento de poliadenilación y otras secuencias que codifican para señales reguladoras que pueden afectar al procesamiento de ARNm o la expresión génica. Éstas se denominan comúnmente regiones no traducidas en sentido de 3' o UTR en 3'. La señal de poliadenilación se caracteriza habitualmente porque afecta la adición de tramos de ácido poliadenílico al extremo 3' del precursor de ARNm. El uso de secuencias no codificantes en sentido de 3' diferentes se muestra a modo de ejemplo por Ingelbrecht y *col.* (1989).

20 “Secuencia líder de traducción” o “región no traducida en sentido de 5'” o “UTR en 5'” se refieren todas a una secuencia de nucleótidos ubicada entre la secuencia de promotor de un gen y la secuencia codificante. La UTR en 5' está presente en el ARNm completamente procesado en sentido de 5' de la secuencia de iniciación de la traducción. La UTR en 5' puede afectar al procesamiento del transcrito primario a ARNm, la estabilidad del ARNm o la eficacia de traducción. Se han descrito ejemplos de secuencias líder de traducción (Turner y Foster, 1995).

25 “Transcrito de ARN” se refiere al producto que resulta de la transcripción catalizada por polimerasa de ARN de una secuencia de ADN. Cuando el transcrito de ARN es una copia complementaria perfecta de la secuencia de ADN, se denomina transcrito primario. Una secuencia de ARN derivada del procesamiento protranscripcional del transcrito primario se denomina el ARN maduro. “ARN mensajero” (ARNm) se refiere al ARN que está sin intrones y que puede traducirse en polipéptido por la célula.

30 “Constructo de ADN” se refiere a los elementos genéticos heterólogos operativamente unidos entre sí que constituyen una molécula de ADN recombinante y pueden comprender elementos que proporcionan la expresión de una molécula de ADN polinucleótido en una célula huésped y elementos que proporcionan el mantenimiento del constructo. Un casete de expresión vegetal comprende la unión operable de elementos genéticos que cuando se transfieren a una célula vegetal proporciona la expresión de un producto génico deseable.

35 “Vector recombinante” se refiere a cualquier agente mediante el que o en el que un ácido nucleico de interés se amplifica, se expresa, o se almacena, tal como un plásmido, cósmido, virus, secuencia de replicación autónoma, fago, o secuencia de nucleótidos de ARN o de ADN monocatenario lineal, monocatenario circular, bicatenario lineal, o bicatenario circular. El vector recombinante puede sintetizarse o derivarse a partir de cualquier fuente y puede realizar integración genómica o replicación autónoma.

40 “Secuencia reguladora” se refiere a una secuencia de nucleótidos ubicada en sentido de 5' (5'), dentro de, o en sentido de 3' (3') con respecto a una secuencia codificante, o un intrón, cuya presencia o ausencia afecta a la transcripción y expresión de la secuencia codificante.

“Sustancialmente homólogo” se refiere a dos secuencias que son al menos aproximadamente un 90 % idénticas en secuencia, tal como se mide mediante el algoritmo CLUSTAL W en, por ejemplo DNASTar (Madison, WI).

45 “Sustancialmente purificado” se refiere a una molécula separada de sustancialmente todas las demás moléculas normalmente asociadas con la misma en su estado nativo. Más preferentemente, una molécula sustancialmente purificada es una especie predominante presente en una preparación. Una molécula sustancialmente purificada puede estar más de aproximadamente un 60 % libre, de manera preferente aproximadamente un 75 % libre, de manera más preferente aproximadamente un 90 % libre, y de la manera más preferente aproximadamente un 95 %
50 libre de las otras moléculas (excluyendo el disolvente) presentes en la mezcla natural. La expresión “sustancialmente purificado” no pretende abarcar las moléculas presentes en su estado nativo. Preferentemente, las moléculas de ácido nucleico y polipéptidos de esta invención están sustancialmente purificados.

El término “transformación” se refiere a la introducción de ácido nucleico en un huésped receptor. La expresión “huésped” se refiere a células bacterianas, hongos, animales o células animales, plantas o semillas, o cualquier
55 parte de planta o tejidos incluyendo células vegetales, protoplastos, callos, raíces, tubérculos, semillas, tallos, hojas, plántulas, embriones, y polen.

Tal como se usa en el presente documento, una “planta transgénica” es una planta que tiene introducido de manera estable en su genoma, por ejemplo, los genomas nucleares o de plasto, un ácido nucleico exógeno.

El término “isogénico” como término comparativo entre plantas o líneas vegetales que tienen o que carecen de un transgén significa plantas o líneas que tienen los mismos o similares antecedentes genéticos, con la excepción del transgén en cuestión. Por ejemplo, las denominadas líneas hermanas que representan selecciones fenotípicamente similares o idénticas de la misma población de F2 parental se considera que son “isogénicas.” Cuando la progenie de una planta transformante estable se cruza y se retrocruza con las plantas de la línea parental sin transformar durante 3 a 6 generaciones (o más) usando el progenitor sin transformar como el progenitor recurrente mientras se selecciona el tipo (genotipo mediante análisis de marcador molecular, fenotipo mediante observación de campo, o ambos) y para el transgén, la línea transgénica resultante se considera que es altamente “isogénica” con respecto a su línea parental sin transformar.

Se entiende que los términos “semillas”, “pepitas” y “grano” tienen significados equivalentes. El término pepita se usa frecuentemente en la descripción de la semilla de una planta de maíz o de arroz. En todas las plantas la semilla es el óvulo maduro que consiste en una cubierta de semilla, embrión, aleurona y un endosperma.

15 Ácidos nucleicos que codifican para fosfopanteteinil transferasa

La invención proporciona, en una realización, ácidos nucleicos novedosos que codifican para fosfopanteteinil transferasas a partir de *Moritella marina*. En ciertas realizaciones, los ácidos nucleicos comprenden las SEQ ID NO:6 u 8. La invención proporciona también procedimientos de uso de tales ácidos nucleicos, incluyendo las SEQ ID NO:6 y 8. En una realización, estas moléculas de ácido nucleico se usan en el contexto de esta invención para alterar la composición de aceite de una semilla a partir de una planta.

Tal ácido nucleico puede amplificarse usando ADNc, ARNm o ADN genómico como molde y cebadores de oligonucleótido apropiados según técnicas de amplificación de PCR™ convencionales. Alternativamente, pueden sintetizarse usando técnicas sintéticas convencionales, tales como un sintetizador de ADN automatizado. Los polinucleótidos que codifican para las fosfopanteteinil transferasas deseadas pueden identificarse en una variedad de modos. Como ejemplo, una fuente de la fosfopanteteinil transferasa deseada, por ejemplo una biblioteca de *Moritella*, se selecciona con sondas sintetizadas enzimática o químicamente detectables, que pueden prepararse a partir de ADN, ARN, o nucleótidos que no se producen de manera natural, o mezclas de los mismos. Pueden sintetizarse sondas de manera enzimática a partir de polinucleótidos de fosfopanteteinil transferasas conocidas para procedimientos de hibridación de rigurosidad normal o reducida. También pueden usarse sondas de oligonucleótido para seleccionar fuentes y pueden basarse en secuencias de fosfopanteteinil transferasas conocidas, incluyendo secuencias conservadas entre fosfopanteteinil transferasas conocidas, o en secuencias de péptido obtenidas a partir de la proteína purificada deseada. Las sondas de oligonucleótido basadas en secuencias de aminoácido pueden degenerar para englobar la degeneración del código genético, o pueden desviarse a favor de los codones preferidos del organismo fuente. También pueden usarse oligonucleótidos como cebadores para PCR™ a partir de ARNm transcrito inverso a partir de una fuente conocida o una posible fuente; el producto de PCR™ puede ser el ADNc de longitud completa o puede usarse para generar una sonda para obtener el ADNc de longitud completa deseado. Alternativamente, una proteína deseada puede secuenciarse completamente y realizarse la síntesis total de un ADN que codifica con ese polipéptido.

Una vez se ha aislado el ADNc o genómico deseado, puede secuenciarse mediante procedimientos conocidos. Se reconoce en la técnica que tales procedimientos están sujetos a errores, de modo que es de rutina la múltiple secuenciación de la misma región y se espera aún que lleve a tasas medibles de errores en la secuencia deducida resultante, particularmente en regiones que tienen dominios repetidos, estructura secundaria extensiva, o composiciones de bases inusuales, tales como regiones con alto contenido en bases GC. Cuando surgen discrepancias, puede efectuarse una resecuenciación y puede emplearse procedimientos especiales. Los procedimientos especiales pueden incluir condiciones de secuenciación alternas usando: diferentes temperaturas; diferentes enzimas; proteínas que alteran la capacidad de los oligonucleótidos para formar estructuras de orden superior; nucleótidos alterados tales como ITP o dGTP metilado; diferentes composiciones de gel, por ejemplo añadir formamida; diferentes cebadores o cebadores ubicados a diferentes distancias de la región; o diferentes moldes tales como ADN monocatenarios. También puede emplearse secuenciación de ARNm.

Si se desea, las secuencias de ácidos nucleicos que codifican para fosfopanteteinil transferasas pueden modificarse sin cambiar la secuencia de aminoácidos resultante de la proteína expresada de modo que las secuencias sean más sensibles a la expresión en huéspedes vegetales. Una secuencia codificante puede ser una ADN artificial. Un ADN artificial, tal como se usa en el presente documento significa una molécula de ADN polinucleótido que no se produce de manera natural. Pueden diseñarse moléculas de ADN artificiales mediante una variedad de procedimientos, tales como, procedimientos conocidos en la técnica que se basan en sustituir el/los codón/codones de un primer polinucleótido para crear una segunda generación equivalente, o incluso una segunda generación mejorada, siendo útil este nuevo polinucleótido artificial para la expresión mejorada en plantas transgénicas. El aspecto de diseño emplea con frecuencia una tabla de uso de codones que se produce compilando la frecuencia de aparición de codones en una colección de secuencias codificantes aisladas de una planta, un tipo de planta, familia o género. Otros aspectos de diseño incluyen reducir la aparición de señales de poliadenilación, sitios de corte y empalme de

intrón, o tramos de AT o GC largos de secuencia (patente de los Estados Unidos 5.500.365). Secuencias codificantes de longitud completa o fragmentos de las mismas pueden prepararse de ADN artificial usando procedimientos conocidos por los expertos en la técnica. Modificaciones de las secuencias de nucleótidos o elementos reguladores dados a conocer en el presente documento que mantienen las funciones que se contemplan en el presente documento se encuentran dentro del alcance de esta invención. Tales modificaciones incluyen inserciones, sustituciones y deleciones, y específicamente sustituciones que reflejan la degeneración del código genético.

Los inventores han aislado secuencias de ADN a partir de *Moritella marina* que producen polipéptidos con actividad fosfopanteteinil transferasa. Las secuencias que codifican para las fosfopanteteinil transferasas pueden expresarse en plantas transgénicas, microorganismos o animales para efectuar la activación de una poliquétido sintasa. Otros polinucleótidos que son sustancialmente idénticos a los polinucleótidos de fosfopanteteinil transferasa proporcionados en el presente documento, o que codifican para polipéptidos que son sustancialmente idénticos a los polipéptidos de fosfopanteteinil transferasa, también pueden usarse. "Sustancialmente idéntico" se refiere a una secuencia de aminoácidos o secuencia de ácido nucleico que muestra, en orden creciente de preferencia, al menos un 75 %, un 80 %, un 85 %, un 90 %, un 95 %, un 98 o un 99 % de identidad con la secuencia de polipéptido de fosfopanteteinil transferasa en la SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:7 o secuencias que codifican para estos polipéptidos. Comparaciones de polipéptidos o polinucleótidos pueden llevarse a cabo usando software de análisis de secuencias, por ejemplo, el paquete de software de análisis de secuencias del paquete de GCG Wisconsin (Accelrys, San Diego, CA) y MEGAlign (DNASStar, Inc., 1228 S. Park St., Madison, Wis. 53715). Tal software empareja secuencias similares asignando grados de similitud o de identidad.

Constructos de ADN

La invención proporciona constructos de ADN que comprenden un promotor heterólogo operativamente unido con un ácido nucleico que se describe en el presente documento. La selección de promotores, por ejemplo, promotores que puede describirse que se expresan fuertemente, que se expresan débilmente, que se expresan de manera inducida, que se expresan de manera potenciada en tejido (es decir, que se expresan de manera específica o preferencial en un tejido), que se expresan de manera potenciada en órganos (es decir, que se expresan de manera específica o preferente en un órgano) y que se expresan de manera potenciada en cuanto al desarrollo (es decir, que se expresan de manera específica o preferente durante una/unas fase(s) particular(es) del desarrollo), se encuentra dentro de la experiencia en la técnica. De manera similar, la combinación de una molécula de ácido nucleico tal como se describió anteriormente con un promotor se encuentra también dentro de la experiencia en la técnica (véase, por ejemplo, Sambrook y col., 1989).

Los promotores para su uso con la invención incluyen, pero no se limitan a, promotores que funcionan en bacterias, bacteriófagos, hongos o células vegetales. Promotores útiles para la expresión bacteriana son los promotores lacZ, Sp6, T7, T5 o glgC de *E. coli*. Los promotores útiles para hongos incluyen Gall de *Saccharomyces cerevisiae* (West, y col. (1984)), nmt1 de *Saccharomyces pombe* (Maundrell, K. (1990)), ccg-1 de *Neurospora crassa* (Freitag M y Selker EU (2005)) y AUG1 de *Pichia methanolica* (Invitrogen). Los promotores útiles para células vegetales incluyen el promotor gamma zeína Z27 (véase, por ejemplo, Lopes y col. (1995), promotor de oleosina L3 (patente de los Estados Unidos N.º 6.433.252), promotor PER1 de cebada (Stacey y col., 1996), promotor 35S de CaMV (Odell y col. 1985), el 19S de CaMV (Lawton y col., 1987), nos (Ebert y col., 1987), Adh (Walker y col., 1987), sacarosa sintasa (Yang y col., 1990), actina (Wang y col., 1992), cab (Sullivan y col., 1989), promotor PEPCase (Hudspeth y col., 1989), o los asociados con el complejo de gen R (Chandler y col., 1989). El promotor de virus de mosaico de escrofularia (FMV) (Richins y col., 1987), promotores de arcelina, E8 de tomate, patatina, ubiquitina, mannopina sintasa (mas) y de tubulina son otros ejemplos de promotores útiles.

Existe una amplia variedad de secuencias de promotor vegetal que pueden usarse para dirigir la expresión específica de tejido de polinucleótidos que codifican para fosfopanteteinil transferasas en plantas transgénicas. De hecho, en realizaciones particulares de la invención, el promotor que se usa es un promotor específico de semilla. Los ejemplos de tales promotores incluyen las regiones reguladoras en sentido de 5' de genes tales como napina (Kridl y col., 1991), faseolina (Bustos, y col., 1989), inhibidor de tripsina de soja (Riggs, y col., 1989), ACP (Baerson y col., 1993), stearoil-ACP desaturasa (Slocombe y col., 1994), subunidad de soja a' de β -conglucina (P-Gm7S alpha', véase por ejemplo, Chen y col., 1986), USP de *Vicia faba* (P-Vf.Usp, véanse por ejemplo, las SEQ ID NO:1, 2, y 3, solicitud de patente de los Estados Unidos 10/429.516), el promotor de globulina (véase por ejemplo Belanger y Kriz, (1991), subunidad alfa de soja de β -conglucina (7S alfa) (solicitud de patente de los Estados Unidos 10/235.618) y promotor de oleosina L3 de *Zea mays* (P-Zm.L3, véase, por ejemplo, Hong y col., 1997).

Promotores expresados en maíz incluyen promotores de genes que codifican para zeínas, que son un grupo de proteínas de reserva que se encuentran en el endosperma de maíz. Se han aislado clones genómicos de genes de zeína (Pedersen y col., 1982; Russell y col., 1997) y pueden usarse los promotores de estos clones, incluyendo los genes de 15 kD, 16 kD, 19 kD, 22 kD y 27 kD. Otros promotores potenciados en la expresión de semillas que se sabe que funcionan en maíz y en otras plantas incluyen los promotores para los siguientes genes: Waxy (almidón sintasa unida al gránulo), Brittle y Shrunken 2 (ADP glucosa pirofosforilasa), Shrunken 1 (sacarosa sintasa), enzimas de ramificación I y II, almidón sintasas, enzimas de desramificación, oleosinas, glutelinas, y Bet11 (capa de transferencia de endospermo basal). Otros promotores útiles en la práctica de la invención que se conocen por un

experto en la técnica se contemplan también por la invención.

Además, pueden usarse potenciadores de transcripción o duplicaciones de potenciadores para aumentar la expresión a partir de un promotor particular. Los ejemplos de tales potenciadores incluyen, pero no se limitan al the Adh intrón1 (Callis y col., 1987), un intrón de actina de arroz (McElroy y col., 1991; patente de los Estados Unidos N.º 5.641.876), intrón de sacarosa sintasa (Vasil y col., 1989), un intrón de HSP70 de maíz (también denominado Zm.DnaK) (patente de los Estados Unidos 5.424.412, Brown y col.) un elemento omega de TMV (Gallie y col., 1999), el potenciador 35S de CaMV (patentes de los Estados Unidos 5.359.142 & 5.196.525, McPherson y col.) o un potenciador de octopina sintasa (patente de los Estados Unidos 5.290.924, Last y col.). Ya que la secuencia de ADN entre el sitio de inicio de la transcripción y el comienzo de la secuencia codificante, es decir, la secuencia líder sin traducir, puede influir en la expresión génica, puede desearse también emplear una secuencia líder particular. Puede emplearse cualquier secuencia líder disponible para un experto en la técnica. Las secuencias líder preferidas dirigen niveles óptimos de expresión del gen unido, por ejemplo, aumentando o manteniendo la estabilidad del ARNm y/o impidiendo un inicio inapropiado de la traducción (Joshi, 1987). La elección de tales secuencias es a discreción de los expertos en la técnica.

Los constructos de ADN de la invención pueden incluir una secuencia cerca del extremo 3' del casete que actúa como una señal para terminar la transcripción a partir un ácido nucleico heterólogo y que dirige la poliadenilación del ARNm resultante. Éstos se denominan comúnmente regiones sin traducir en 3' o UTR en 3'. Algunos elementos en 3' que pueden actuar como señales de terminación de la transcripción incluyen aquellos del gen de la nopalina sintasa (nos) de *Agrobacterium tumefaciens* (Bevan y col., 1983), una región sin traducir en 3' de napina (Kridl y col., 1991), una región sin traducir en 3' de globulina (Belanger y Kriz, 1991), región sin traducir en 3' del gen Adr12 de soja (auxina regulada por disminución) (Wang y col., publicación PCT WO200250295) o uno de un gen de zeína, tal como Z27 (Lopes y col., 1995). Otros elementos reguladores en 3' conocidos en la técnica pueden usarse en los vectores de la invención.

Una molécula de ácido nucleico tal como se describe en el presente documento puede clonarse en cualquier vector adecuado y puede usarse para transformar o transfectar cualquier huésped adecuado. La selección de vectores y procedimientos para construirlas se conocen comúnmente en la técnica y se describen en referencias técnicas generales (véase, en general, "Recombinant DNA Part D" (1987)). El vector comprenderá preferentemente secuencias reguladoras, tales como codones de inicio y de terminación de la transcripción y traducción, que son específicos del tipo de huésped (por ejemplo, bacteria, hongo o planta) en el que va a introducirse el vector, según sea apropiado y tomando en consideración si el vector es ADN o ARN.

Vectores que son circulares o lineales pueden prepararse para que contengan una secuencia completa de ácido nucleico tal como se describió anteriormente o una parte de la misma ligada a un sistema de replicación funcional en una célula huésped procarionta o eucariota. Los sistemas de replicación pueden derivarse de ColE1, plásmido de 2 µm, fago λ, fago filamentoso f1, *Agrobacterium* sp. (por ejemplo, *A. tumefaciens* y *A. rhizogenes*), y similares.

Además del sistema de replicación y la secuencia de ácido nucleico insertada, el vector puede incluir uno o más genes marcadores que permiten la selección de huéspedes transformados o transfectados. Los genes marcadores incluyen resistencia biocida, tal como resistencia a antibióticos, metales pesados, herbicidas, etc., complementación en un huésped auxotrópico para proporcionar prototofia, y similares.

La invención proporciona células huésped que comprenden una molécula de ácido nucleico que se describe en el presente documento, opcionalmente en forma de un vector. Los huéspedes adecuados incluyen células vegetales, bacterianas y fúngicas, incluyendo *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Saccharomyces cerevisiae* y *Neurospora crassa*. Los huéspedes de *E. coli* incluyen TB-1, TG-2, DH5α, XLBlue MRF' (Stratagene, Austin, TX), SA2821, Y1090 y TG02. Las células vegetales incluyen, pero sin limitarse a, soja, *Brassica campestris*, canola, colza, nabina, crambe, mostaza, semilla de ricino, cacahuete, sésamo, semilla de algodón, semilla de lino, cártamo, palma de aceite, linaza, girasol, alfalfa, maíz, trigo, cebada, avena, centeno, mijo, sorgo y arroz.

La expresión en una célula huésped puede lograrse de manera transitoria o estable. La expresión transitoria puede producirse a partir de constructos introducidos que contienen señales de expresión funcionales en la célula huésped, pero constructos que no replican y raramente se integran en la célula huésped, o en los que la célula huésped no es proliferante. La expresión transitoria puede lograrse también induciendo la actividad de un promotor regulable operativamente unido con el gen de interés, aunque tales sistemas inducibles presentan un bajo nivel de expresión basal. La expresión estable puede lograrse mediante la introducción de un constructo que puede integrarse en el genoma del huésped o que replica de manera autónoma en la célula huésped. La expresión estable del gen de interés puede seleccionarse a través del uso de un marcador seleccionable ubicado en o transfectado con el constructo de expresión, seguido por la selección de células que expresan el marcador. Cuando resulta una expresión estable de la integración, la integración de constructos puede producirse al azar dentro del genoma del huésped o puede dirigirse a través del uso de constructos que contienen regiones de homología con el genoma del huésped suficiente para dirigir la recombinación con el locus del huésped. Cuando los constructos se dirigen a un locus endógeno, todas o algunas de las regiones reguladoras de la transcripción y de la traducción pueden proporcionarse por el locus endógeno.

La expresión en una célula huésped puede implicar técnicas de fermentación conocidas por un experto en la técnica. La célula huésped fermentada puede ser de un procarionta, tal como *Escherichia coli*, o un eucariota, tal como la levadura *Saccharomyces cerevisiae*, o *Neurospora crassa*, un hongo filamentoso. Los ejemplos de producción de PUFA mediante fermentación incluyen *Mortierella* (patente de los Estados Unidos 6.319.698) y *Thraustochytriales* (patente de los Estados Unidos 6.451.567).

Se contempla que puede introducirse más de un gen y propagarse en una célula huésped a través del uso de vectores de expresión episómicos o integrados. Cuando se expresan dos o más genes a partir de vectores de replicación separados, es deseable que cada vector tenga un medio de replicación diferente. Cada constructo introducido, ya sea integrado o no, tendrá un medio de selección diferente y carecerá de homología con respecto a los otros constructos para mantener la expresión estable y prevenir la reagrupación de elementos entre constructos. Las elecciones juiciosas de regiones reguladoras, medios de selección y procedimiento de propagación del constructo introducido pueden determinarse experimentalmente de modo que todos los polinucleótidos introducidos se expresen a niveles necesarios para proporcionar la síntesis de los productos deseados.

Polipéptidos

La invención proporciona fosfopanteteinil transferasas codificadas por moléculas de ácido nucleico descritas en el presente documento. Las poliquétido sintetasas son complejos de enzima compuestos por polipéptidos multifuncional es que catalizan la síntesis de moléculas complejas a partir de sustratos simples de una manera iterativa. En *Moritella marina*, un complejo de PKS sintetiza DHA a partir de malonil-CoA y acetil-CoA. Para activar este complejo se requiere una fosfopanteteinil transferasa. El polipéptido preferentemente comprende un extremo amino y un extremo carboxilo. El polipéptido puede comprender D-aminoácidos, L-aminoácidos o una mezcla de D-aminoácidos y L-aminoácidos.

Alteraciones de la secuencia de aminoácidos nativa para producir polipéptidos variantes pueden prepararse mediante una variedad de medios conocidos por los expertos habituales en la técnica. Por ejemplo, pueden introducirse convenientemente sustituciones de aminoácido en los polipéptidos cambiando la secuencia de la molécula de ácido nucleico en el momento de la síntesis. También pueden introducirse mutaciones específicas de sitio mediante ligación en un vector de expresión un oligonucleótido sintetizado que comprende la secuencia modificada. Alternativamente, pueden usarse procedimientos de mutagénesis dirigida a oligonucleótido, específica de sitio, tal como se dan a conocer en Walder y col. (1986); Bauer y col. (1985); y las patentes de los Estados Unidos 4.518.584 y 4.737.462.

Dentro de la experiencia del experto común se encuentra seleccionar aminoácidos que se producen de manera sintética y de manera natural que efectúan sustituciones conservativas o neutras para cualquier aminoácido que se produce de manera natural particular. El experto en la técnica habitual considerará de manera deseable el contexto en el que se realiza cualquier sustitución de aminoácido particular, además de considerar la hidrofobicidad o polaridad de la cadena lateral, el tamaño general de la cadena lateral y el valor de pK de cadenas laterales con carácter ácido o básico en condiciones fisiológicas. Por ejemplo, lisina, arginina e histidina se sustituyen con frecuencia adecuadamente uno por otro, y con mayor frecuencia arginina e histidina. Tal como se conoce en la técnica, esto se debe a que los tres aminoácidos tienen cadenas laterales básicas, mientras que el valor de pK para las cadenas laterales de lisina y arginina están mucho más próximas una a otra (aproximadamente 10 y 12) que a histidina (aproximadamente 6). De manera similar, glicina, alanina, valina, leucina e isoleucina se sustituyen con frecuencia adecuadamente uno por otro, con la condición de que la glicina frecuentemente no se sustituye adecuadamente por los otros miembros del grupo. Esto se debe a que cada uno de estos aminoácidos es relativamente hidrófobo cuando se incorpora en un polipéptido, pero la falta de la glicina de un carbono α permite a los ángulos de rotación phi y psi (alrededor del carbono α) una libertad conformacional tal que los residuos de glicina pueden provocar cambios en la conformación o estructura secundaria que no se producen con frecuencia cuando los otros aminoácidos se sustituyen uno por otro. Otros grupos de aminoácidos frecuentemente sustituidos de manera adecuada uno por otro incluyen, pero no se limitan a, el grupo que consiste en ácidos glutámicos y aspárticos; el grupo que consiste en fenilalanina, tirosina y triptófano; y el grupo que consiste en serina, treonina y, opcionalmente, tirosina. Adicionalmente, el experto en la técnica habitual puede agrupar fácilmente aminoácidos sintéticos con aminoácidos que no se producen de manera natural.

Si se desea, los polipéptidos pueden modificarse, por ejemplo, mediante glicosilación, amidación, carboxilación, o fosforilación, o mediante la creación de sales de adición de ácido, amidas, ésteres, en particular ésteres C-terminales, y derivados de N-acilo de los polipéptidos de la invención. Los polipéptidos pueden modificarse también para crear derivados de proteína mediante la formación de complejos covalentes o no covalentes con otros restos según procedimientos conocidos en la técnica. Pueden prepararse complejos unidos covalentemente mediante la unión de restos químicos con grupos funcionales en las cadenas laterales de aminoácidos que comprenden los polipéptidos, o en extremo C-terminal de Nor. De manera deseable, tales modificaciones y conjugaciones no afectan de manera adversa a la actividad de los polipéptidos (y variantes de los mismos). Aunque tales modificaciones y conjugaciones pueden tener mayor o menor actividad, la actividad de manera deseable no se ve anulada y es característica del polipéptido inalterado.

Los polipéptidos (y fragmentos, variantes y proteínas de fusión) pueden prepararse mediante cualquiera de un número de técnicas convencionales. El polipéptido puede aislarse o sustancialmente purificarse a partir de una fuente que se produce de manera natural o a partir de una recombinante. Por ejemplo, en el caso de proteínas recombinantes, un fragmento de ADN que codifica para una proteína deseada puede subclonarse en un vector apropiado usando técnicas genéticas moleculares bien conocidas (véase, por ejemplo, Maniatis *y col.*, 1989) y otras referencias citadas en el presente documento en "EJEMPLOS"). El fragmento puede transcribirse y traducirse posteriormente la proteína *in vitro*. También pueden emplearse kits comercialmente disponibles (por ejemplo, tales como los fabricados por Clontech, Mountain View, CA; Amersham Life Sciences, Inc., Arlington Heights, IL; Invitrogen, Carlsbad, CA y similares). Opcionalmente puede emplearse la reacción en cadena de la polimerasa en la manipulación de ácidos nucleicos.

Pueden sintetizarse polipéptidos usando un sintetizador de péptidos automatizado según procedimientos conocidos en la técnica. Alternativamente, el polipéptido (y fragmentos, variantes, y proteínas de fusión) puede sintetizarse usando técnicas de síntesis de péptidos convencionales bien conocidas por los expertos habituales en la técnica (por ejemplo, tal como se resume en Bodanszky (1984)). En particular, el polipéptido puede sintetizarse usando el procedimiento de síntesis en fase sólida (véase, por ejemplo, Merrifield, 1963; Barany *y col.*, 1987; y la patente de los Estados Unidos 5.424.398). Si se desea, esto puede realizarse usando un sintetizador de péptidos automatizado. La eliminación de los grupos de bloqueo de aminoácido t-butiloxicarbonilo (t-BOC) o 9-fluorenilmetiloxicarbonilo (Fmoc) y la separación de la proteína de la resina puede lograrse mediante, por ejemplo, tratamiento con ácido a temperatura reducida. La mezcla que contiene polipéptido puede entonces extraerse, por ejemplo, con dietil éter, para eliminar compuestos orgánicos no peptídicos, y la proteína sintetizada puede extraerse del polvo de resina (por ejemplo, con aproximadamente un 25 % p/v ácido acético). Tras la síntesis del polipéptido, puede realizarse opcionalmente una purificación adicional (por ejemplo, usando HPLC) con el fin de eliminar cualquier proteína incompleta, polipéptido, péptido o aminoácido libre. Puede realizarse un análisis de aminoácidos y/o de HPLC sobre el polipéptido sintetizado para validar su identidad. Para otras aplicaciones según la invención, puede ser preferible producir el polipéptido como parte de una proteína de fusión más grande, o bien mediante conjugación química, o bien a través de medios genéticos que se conocen en la técnica. A este respecto, esta invención proporciona también una proteína de fusión que comprende el polipéptido (o fragmento de la misma) o variante de la misma y uno o más polipéptidos/proteína(s) distintos que tienen cualquiera de las propiedades deseadas o funciones efectoras.

Ensayos para la producción e identificación de proteínas específicas se basan en diversas propiedades fisicoquímicas, estructurales, funcionales u otras propiedades de las proteínas. Unas propiedades fisicoquímicas o estructurales únicas permiten a las proteínas separarse e identificarse mediante procedimientos electroforéticos, tales como electroforesis en gel nativa o desnaturizante o isoelectroenfoque, o mediante técnicas cromatográficas tales como cromatografía de intercambio iónico o de exclusión en gel. Las estructuras únicas de proteínas individuales ofrecen oportunidades para el uso de anticuerpos específicos para detectar su presencia en formatos tales como un ensayo ELISA. Pueden usarse combinaciones de enfoques para conseguir una especificidad incluso mayor tal como inmunotransferencia de tipo Western en la que se usan anticuerpos para localizar productos génicos individuales que se han separado mediante técnicas electroforéticas. Pueden usarse técnicas adicionales para confirmar de forma absoluta la identidad del producto de interés tal como la evaluación mediante secuenciación de aminoácidos tras la purificación. Aunque éstas se encuentran entre las más comunes, también pueden usarse otros procedimientos.

Procedimientos de ensayo pueden identificar la expresión de proteínas mediante su funcionalidad, particularmente cuando la proteína expresada es una enzima que puede catalizar reacciones químicas que implican sustratos y productos específicos. Por ejemplo, en extractos vegetales, estas reacciones pueden medirse proporcionando y cuantificando la pérdida de sustratos o la generación de productos de las reacciones mediante procedimientos físicos y/o químicos.

En muchos casos, la expresión de un producto génico se determina evaluando los resultados fenotípicos de su expresión. Tales evaluaciones pueden ser simplemente como observaciones visuales, o pueden implicar ensayos. Tales ensayos pueden adoptar muchas formas, tales como analizar los cambios en la composición química, morfología, o propiedades fisiológicas de la planta. La composición química puede alterarse mediante la expresión de genes que codifican para enzimas o proteínas de reserva que cambian la composición de aminoácidos y estos cambios pueden detectarse mediante análisis de aminoácidos, o mediante enzimas que cambian la cantidad de almidón, que pueden analizarse mediante espectrometría de reflectancia en el infrarrojo cercano o mediante enzimas que cambian la composición de aceite, que pueden detectarse mediante cromatografía de gases. Los cambios morfológicos pueden incluir una mayor estatura o tallos más gruesos.

Las moléculas de ácido nucleico, constructos de ADN y polipéptidos de esta invención pueden usarse en procedimientos de agricultura y diversos ensayos de selección. Por ejemplo, una molécula de ácido nucleico puede usarse para expresar fosfopanteteinil transferasa a través de un vector en una célula huésped, para detectar transcritos de ARNm que codifican para fosfopanteteinil transferasa en una muestra biológica, para detectar una alteración genética en un gen que codifica para fosfopanteteinil transferasa a través de una transferencia de tipo Southern, para suprimir fosfopanteteinil transferasa, o para regular por incremento fosfopanteteinil transferasa. Los polipéptidos pueden usarse para compensar deficiencias en fosfopanteteinil transferasa o la presencia de una

fosfopanteteinil transferasa mutada que tiene una actividad reducida o nada de actividad una planta, o para tratar niveles excesivos de sustratos, ya sean directos o indirectos, para fosfopanteteinil transferasa en una planta. Alternativamente, los polipéptidos pueden usarse para seleccionar agentes por la capacidad de modular su actividad. Los anticuerpos pueden usarse para detectar y aislar los polipéptidos respectivos así como la disminución de la capacidad de tales polipéptidos *in vivo*.

Transformación de plantas

En una realización preferida de la invención se produce una planta transgénica que expresa la proteína o proteínas deseadas. En la técnica se conocen varios procedimientos para la introducción de una secuencia de polinucleótido deseada que codifica para la proteína deseada en células vegetales, incluyendo: (1) procedimientos físicos tales como microinyección, electroporación, y administración mediada por micropartículas (biolística o tecnología de pistola de genes); (2) administración mediada por virus; y (3) transformación mediada por *Agrobacterium*.

Los procedimientos más comúnmente usados para la transformación de células vegetales son el proceso de transferencia de ADN mediado por *Agrobacterium* y la biolística o el proceso mediado por bombardeo de micropartículas de microproyector. Normalmente se desea la transformación nuclear, pero cuando es deseable transformar específicamente plástidos, tales como cloroplastos o amiloplastos, pueden transformarse plástidos vegetales usando una administración mediada por micropartículas del polinucleótido deseado.

La transformación mediada por *Agrobacterium* se consigue a través del uso de una bacteria del suelo modificada mediante ingeniería genética que pertenece al género *Agrobacterium*. Varias cepas de tipo natural y desarmadas de *Agrobacterium tumefaciens* y *Agrobacterium rhizogenes* que albergan plásmidos de Ti o Ri pueden usarse para transferencia génica en plantas. La transferencia génica se realiza a través de la transferencia de un ADN específico conocido como "ADN-T" que puede modificarse mediante ingeniería genética para portar cualquier parte deseada de ADN en muchas especies vegetales, tal como se elabora adicionalmente, por ejemplo, en la patente de los Estados Unidos 6.265.638 concedida a Bidney y col.

La transformación genética mediada por *Agrobacterium* de plantas implica varias etapas. La primera etapa, en la que el *Agrobacterium* virulento y células vegetales se ponen en primer lugar en contacto entre sí, se denomina generalmente "inoculación". La inoculación va acompañada preferentemente de algún procedimiento de lesión a algunas de las células vegetales, que libera constituyentes celulares vegetales, tales como alcohol cumarílico, sinapinato (que se reduce a acetosiringona), alcohol sinapílico, y alcohol coniferílico, que activan factores de virulencia en el *Agrobacterium*. Tras la inoculación, el *Agrobacterium* y tejidos/células vegetales se permiten crecer juntos durante un período de varias horas a varios días o más en condiciones adecuadas para el crecimiento y la transferencia de ADN-T. Esta etapa se denomina "cocultivo". Tras el cocultivo y la administración de ADN-T, las células vegetales se tratan con agentes bactericidas o bacteriostáticos para destruir el *Agrobacterium* que queda en contacto con el explanto y/o en el recipiente que contiene el explanto. Si esto se realiza en ausencia de cualquier agente selectivo para promover el crecimiento preferencial de células vegetales transgénicas frente a no transgénicas, entonces esto se denomina normalmente la etapa de "retardo". Si se realiza en presencia de presión selectiva que favorece las células vegetales transgénicas, entonces se denomina una etapa de "selección". Cuando se usa "retardo", va seguido normalmente por una o más etapas de "selección".

Con respecto al bombardeo de micropartículas (patente de los Estados Unidos 5.550.318 (Adams y col.); patente de los Estados Unidos 5.538.880 (Lundquist *et. al.*), patente de los Estados Unidos 5.610.042 (Chang y col.); y el documento WO 95/06128 (Adams y col.)), se recubren partículas microscópicas con ácidos nucleicos y se suministran en células mediante una fuerza de propulsión. Las partículas a modo de ejemplo incluyen aquellas compuestas por tungsteno, platino, y preferentemente, oro.

Una realización ilustrativa de un procedimiento para suministrar ADN en células vegetales mediante aceleración es el sistema Biolistics Particle Delivery System (BioRad, Hercules, CA), que puede usarse para propulsar partículas recubiertas con ADN o células a través de un tamiz, tal como un tamiz de acero inoxidable o de Nytex, sobre una superficie de filtro cubierta con células vegetales monocotiledóneas cultivadas en suspensión.

Las técnicas de bombardeo de micropartículas son ampliamente aplicables, y pueden usarse para transformar prácticamente cualquier especie vegetal. Los ejemplos de especies que se han transformado mediante bombardeo de micropartículas incluyen especies monocotiledóneas tales como maíz (publicación internacional N.º WO 95/06128 (Adams y col.)), cebada, trigo (patente de los Estados Unidos 5.563.055 (Townsend y col.)), arroz, avena, centeno, caña de azúcar, y sorgo; así como varias dicotiledóneas incluyendo tabaco, soja (patente de los Estados Unidos 5.322.783 (Tomes y col.)), girasol, cacahuete, algodón, tomate, y legumbres en general (patente de los Estados Unidos 5.563.055 (Townsend y col.)).

Para seleccionar o puntuar para células vegetales transformadas independientemente de la metodología de transformación, el ADN introducido en la célula contiene un gen que funciona en un tejido vegetal regenerable para producir un compuesto que confiere con el tejido vegetal resistencia a un compuesto tóxico por lo demás. Genes de interés para su uso como marcador seleccionable, rastreado o puntuable incluirían pero no se limitan a β -glucuronidasa (GUS), proteína fluorescente verde (GFP), luciferasa (LUX), genes de tolerancia a antibióticos o a

herbicidas. Los ejemplos de genes de resistencia a antibióticos incluyen las penicilinas, kanamicina (y neomicina, G418, bleomicina); metotrexato (y trimetoprim); cloranfenicol; kanamicina y tetraciclina. En la técnica se conocen moléculas de polinucleótido que codifican para proteínas implicadas en la tolerancia a herbicidas, e incluyen, pero no se limitan, a una molécula de polinucleótido que codifica para 5-enolpiruvil-shikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) que se describe en la patente de los Estados Unidos 5.627.061 (Barry, y col.), la patente de los Estados Unidos 5.633.435 (Barry, y col.), y la patente de los Estados Unidos 6.040.497 (Spencer, y col.) y *aroA* que se describe en la patente de los Estados Unidos 5.094.945 (Comai) para tolerancia a glifosato; una molécula de polinucleótido que codifica para bromoxinil nitrilasa (Bxn) que se describe en la patente de los Estados Unidos 4.810.648 (Duerrschnabel, y col.) para tolerancia a Bromoxinil; una molécula de polinucleótido que codifica para fitoeno desaturasa (Ccr1) que se describe en Misawa y col., (1993); Misawa *et al*, (1994) para tolerancia a norflurazon; una molécula de polinucleótido que codifica para acetohidroxiácido sintasa (AHAS, aka ALS) que se describe en Sathasiivan y col. (1990) para tolerancia a herbicidas de sulfonilurea; y ambos, el gen *pat* que se describe en Wohlleben, y col., (1988) y el gen *bar* que se describe en DeBlock, y col. (1987), de los que cada uno proporciona tolerancia a glufosinato y bialafós.

La regeneración, el desarrollo y el cultivo de plantas de varios explantos transformados están bien documentados en la técnica. Este proceso de regeneración y de crecimiento incluye normalmente las etapas de seleccionar células transformadas y cultivar esas células individualizadas a través de fases habituales de desarrollo embrionario a través de la fase de plántula enraizada. Las semillas y embriones transgénicos se regeneran de manera similar. Los brotes enraizados transgénicos resultantes se plantan después de esto en un medio de crecimiento de plantas apropiado tal como tierra. Las células que sobreviven a la exposición al agente selectivo, o las células que se han puntuado positivas en un ensayo de selección, pueden cultivarse en medios que soportan la regeneración de plantas. Las plántulas en desarrollo se transfieren a una mezcla de crecimiento de plantas sin tierra, y se aclimatan antes de transferirlas a un invernadero o cámara de crecimiento para su maduración.

Esta invención puede usarse con cualquier tejido o célula transformable. Por transformable tal como se usa en el presente documento quiere decirse una célula o tejido que puede realizar una propagación adicional para dar lugar a una planta. Los expertos en la técnica reconocen que varias células vegetales o tejidos son transformables ya que tras la inserción de ADN exógeno y condiciones de cultivo apropiadas las células o tejidos vegetales pueden formarse para dar una planta diferenciada. El tejido adecuado para estos fines puede incluir, pero no se limita a embriones inmaduros, tejido escutelar, cultivos celulares en suspensión, inflorescencia inmadura, meristemo de brote, explantos nodulares, tejido de callo, tejido hipocótilo, cotiledones, raíces y hojas. La patente de Tomes y col. '783, citada anteriormente, describe un procedimiento de tratamiento con una citosina seguido de incubación durante un periodo suficiente para permitir que células no diferenciadas en tejido de nódulo de cotiledón se diferencien en células meristemáticas y para permitir que las células entren en las fases entre G1 y las fases de división de desarrollo, que se afirma que mejora la sensibilidad de transformación.

Puede usarse cualquier medio de cultivo de plantas adecuado. Los medios adecuados incluyen, pero no se limitan a, medios basados en MS (Murashige y Skoog, 1962) o medios basados en N6 (Chu y col., 1975) complementados con reguladores de crecimiento de plantas adicionales incluyendo pero sin limitarse a auxinas, citocininas, ABA, y giberelinas. Los expertos en la técnica están familiarizados con la variedad de medios de cultivo de tejidos, que cuando están complementados de manera apropiada, soportan el crecimiento y el desarrollo de tejido vegetal y son adecuados para la transformación y regeneración de plantas. Estos medios de cultivo de tejidos pueden o bien adquirirse como preparación comercial o prepararse y modificarse a medida. Los expertos en la técnica saben que los medios y complementos de medios tales como nutrientes y reguladores del crecimiento para su uso en la transformación y la regeneración y otras condiciones de cultivo tales como la intensidad de la luz durante la incubación, el pH, y las temperaturas de incubación pueden optimizarse para la variedad particular de interés.

Después de que un constructo de ADN se incorpora de manera estable en plantas transgénicas y que se confirma que es operable, puede introducirse en otras plantas de la misma especie u otra especie sexualmente compatible mediante cruzamiento sexual. Puede usarse cualquiera de un número de técnicas de crianza, dependiendo de las especies que van a cruzarse. Por tanto, la presente invención no sólo abarca una planta directamente transformada o regenerada a partir de células que se han transformado según la presente invención, sino también la progenie de tales plantas. Tal como se usa en el presente documento el término "progenie" indica la descendencia de cualquier generación de una planta parental preparada según la presente invención, comprendiendo la progenie un constructo de ADN seleccionado que se prepara según la invención. "Cruzar" una planta para proporcionar una línea vegetal que tiene uno o más transgenes o alelos añadidos con respecto a una línea vegetal de partida, tal como se describe en el presente documento, se define como las técnicas que dan como resultado una secuencia particular que se introduce en una línea vegetal mediante cruzamiento de una línea de partida con una línea vegetal donante que comprende un transgén o alelo de la invención. Para conseguir esto se podrían, por ejemplo, realizar las siguientes etapas: (a) plantar semillas de la primera (línea de partida) y segunda (línea vegetal donante que comprende un transgén o alelo deseado) plantas parentales; (b) hacer crecer las semillas de la primera y segunda plantas parentales para dar plantas que tienen flores; (c) polinizar una flor de la primera planta parental con polen de la segunda planta parental; y (d) recoger semillas producidas en la planta parental que tiene la flor fertilizada.

Retrocruzamiento se define en el presente documento como el proceso que incluye las etapas de: (a) cruzar una planta de un primer genotipo que contiene un gen, secuencia de ADN o elemento deseado con una planta de un

segundo genotipo que carece de dicho gen, secuencia de ADN o elemento; (b) seleccionar una o más planta(s) de progenie que contiene(n) el gen, secuencia de ADN o elemento deseado; (c) cruzar la planta de progenie con una planta del segundo genotipo; y (d) repetir las etapas (b) y (c) con el fin de transferir una secuencia de ADN deseada desde una planta de un primer genotipo a una planta de un segundo genotipo.

5 La introgresión de un elemento de ADN en un genotipo vegetal se define como el resultado del proceso de conversión por retrocruzamiento. Un genotipo vegetal en el que se ha realizado la introgresión de una secuencia de ADN puede denominarse un genotipo, línea, línea endogámica o híbrido convertidos por retrocruzamiento. De manera similar un genotipo vegetal que carece de la secuencia de ADN deseada puede denominarse un genotipo, línea, línea endogámica o híbrido no convertidos.

10 **Semillas, sémola, aceite y productos que comprenden semillas, sémola y aceite**

Esta invención proporciona también un depósito de más de aproximadamente 1000, de manera más preferente aproximadamente 20.000, e incluso de manera más preferente aproximadamente 40.000 semillas en el que por encima de aproximadamente un 10 %, de manera más preferente aproximadamente un 25 %, de manera más preferente aproximadamente un 50 %, e incluso de manera más preferente aproximadamente un 75 % o de manera más preferente aproximadamente un 90 % de las semillas son semillas derivadas de una planta de esta invención:

15 Esta invención proporciona también un depósito de más de aproximadamente 10 kg, de manera más preferente aproximadamente 25 kg, e incluso de manera más preferente aproximadamente 50 kg de semillas en el que por encima de aproximadamente un 10 %, de manera más preferente aproximadamente un 25 %, de manera más preferente aproximadamente un 50 %, e incluso de manera más preferente aproximadamente un 75 % o de manera más preferente aproximadamente un 90 % de las semillas son semillas derivadas de una planta de esta invención.

20 Cualquiera de las plantas o partes de la misma de esta invención pueden recogerse y, opcionalmente, procesarse producir una preparación de pienso, de sémola o de aceite. Una planta particularmente preferida para este fin es el grano cosechado, pero otras partes de planta pueden recogerse y usarse para rastrojo o ensilaje. En la técnica se conocen procedimientos para producir preparaciones de pienso, sémola y aceite preparaciones. Véanse, por ejemplo, las patentes de los Estados Unidos 4.957.748; 5.100.679; 5.219.596; 5.936.069; 6.005.076; 6.146.669; y 6.156.227. El grano o la sémola de esta invención pueden combinarse con otros granos o sémolas.

Procedimientos

La presente invención proporciona un procedimiento para proporcionar plantas transgénicas con un contenido aumentado en DHA o EPA. Este procedimiento puede incluir, por ejemplo, introducir ADN que codifica para fosfopanteteinil transferasa así como un complejo de PKS en células vegetales y regenerar plantas con contenido en DHA o EPA aumentado a partir de las células transgénicas.

30 Más específicamente, la invención proporciona un procedimiento de preparación de un aceite vegetal que contiene DHA o EPA que comprende las etapas de (a) hacer crecer una planta que comprende la célula huésped transformada con un constructo de ADN que comprende un promotor heterólogo operativamente unido con una molécula de ADN que codifica para un polipéptido que tiene actividad fosfopanteteinil transferasa, en el que la molécula de ADN se selecciona del grupo que consiste en: un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C; un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; un polinucleótido que codifica para un polipéptido con al menos un 75 % de identidad de secuencia con una secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; un polinucleótido que codifica para el polipéptido de SEQ ID NO:1; y un polinucleótido que codifica para el polipéptido de SEQ ID NO:3 comprendiendo la célula huésped además una poliquétido sintasa; (b) producir semilla; y (c) procesar la semilla para obtener aceite.

45 La presente invención proporciona además un procedimiento para proporcionar plantas transgénicas que contienen niveles elevados de DHA o EPA, en el que dichos niveles elevados son mayores que los niveles hallados en plantas no transformadas.

Para la complementación alimenticia, los PUFA purificados, plantas transformadas o partes de planta, o derivados de los mismos, pueden incorporarse en aceites de cocina, grasas o margarinas formulados de modo que en el uso normal el receptor recibiría la cantidad deseada. Los PUFA pueden incorporarse también en fórmulas para bebés, complementos nutricionales u otros productos alimenticios, y pueden encontrar uso como agentes antiinflamatorios o hipocolesterolemiantes.

50 Tal como se usa en el presente documento, "composición comestible" se define como composiciones que pueden ingerirse por un mamífero tal como productos alimenticios, sustancias nutricionales y composiciones farmacéuticas. Tal como se usa en el presente documento "productos alimenticios" se refieren a sustancias que pueden usarse o prepararse para su uso como alimento para un mamífero e incluyen sustancias que pueden usarse en la preparación de alimento (tal como aceites para freír) o aditivos alimentarios. Por ejemplo, los productos alimenticios incluyen animales usados para el consumo humano o cualquier producto de los mismos, tal como, por ejemplo, huevos. Los productos alimenticios típicos incluyen pero no se limitan a bebidas, (por ejemplo, refrescos, bebidas

carbonatadas, bebidas listas para mezclar), alimentos infundidos (por ejemplo frutas y verduras), salsas, condimentos, aliños para ensalada, zumos de fruta, siropes, postres (por ejemplo, pudines, gelatina, glaseados y rellenos, productos horneados y postres congelados tales como helados y sorbetes), productos congelados blandos (por ejemplo, cremas congeladas blandas, helados congelados blandos y yogures, aderezos congelados blandos tales aderezos batidos lácteos o no lácteos), aceites y productos emulsionados (por ejemplo, materia grasa, margarina, mayonesa, mantequilla, aceite de cocina y aliños para ensalada) y alimentos de humedad intermedia (por ejemplo, arroz y alimentos para perros).

Además, las composiciones comestibles que se describen en el presente documento pueden ingerirse también como aditivo o complemento contenido en alimentos y bebidas. Éstos pueden formularse junto con una sustancia nutricional tal como varias vitaminas y minerales e incorporarse en composiciones sustancialmente líquidas tales como bebidas nutritivas, leches de soja y sopas; composiciones sustancialmente sólidas; y gelatinas o usarse en forma de un polvo para incorporarse en varios alimentos. En contenido en el ingrediente activo en un alimento funcional o saludable de este tipo puede ser similar a la dosis contenida en un agente farmacéutico típico.

Los PUFA purificados, plantas transformadas o partes de planta pueden incorporarse también en pienso para animales, particularmente para ganado. De este modo, los propios animales pueden beneficiarse de una dieta rica en PUFA, mientras que los consumidores humanos de productos alimenticios producidos a partir de tal ganado pueden beneficiarse también.

Para el uso farmacéutico (humano o veterinario), las composiciones pueden administrarse generalmente por vía oral pero pueden administrarse mediante cualquier vía por la que puedan absorberse satisfactoriamente, por ejemplo, por vía parenteral (es decir por vía subcutánea, por vía intramuscular o por vía intravenosa), por vía rectal, por vía vaginal o por vía tópica, por ejemplo, como loción o pomada para la piel. Los PUFA, plantas transformadas o partes de planta de la presente invención pueden administrarse solos o en combinación con un vehículo o excipiente farmacéuticamente aceptable. Cuando se encuentran disponibles, las cápsulas de gelatina son la forma preferida de administración oral. La complementación alimenticia tal como se expone anteriormente puede proporcionar también una vía oral de administración. Los ácidos insaturados de la presente invención pueden administrarse en formas conjugadas, o como sales, ésteres, amidas o profármacos de los ácidos grasos. Cualquier sal farmacéuticamente aceptable está abarcada por la presente invención; se prefieren especialmente las sales de sodio, potasio o litio. También están abarcadas las sales de N-alquilpolihidroxamina, tales como N-metil-glucamina, que se halla en la publicación PCT WO 96/33155. Los ésteres preferidos son los ésteres etílicos. Como sales sólidas, los PUFA pueden administrarse también en forma de comprimido. Para la administración intravenosa, los PUFA o derivados de los mismos pueden incorporarse en formulaciones comerciales tales como intralípidos.

Ejemplos

Los siguientes ejemplos se incluyen para ilustrar realizaciones de la invención. Deben apreciar los expertos en la técnica que las técnicas que se dan a conocer en los ejemplos que siguen representan técnicas descubiertas por el inventor para funcionar bien en la puesta en práctica de la invención.

Ejemplo 1

Clonación de secuencias de fosfopanteteinil transferasa

Se clonaron tres fosfopanteteinil transferasas bacterianas. La secuencia de aminoácidos de la fosfopanteteinil transferasa (Ppt) de *Shewanella* SCRC-2738 (SEQ ID NO:17) se usó para buscar en bases de datos públicas *ppts* novedosas que funcionen en la biosíntesis de EPA o DHA. Esta búsqueda produjo *ppts* putativas de *Shewanella oneidensis* MR-1 (SEQ ID NO:1) (*So-ppt*) y *Colwellia psychrerythraea* (SEQ ID NO:3) (*Cp-ppt*). Las secuencias de ácido nucleico de *ppts* de *Shewanella oneidensis* MR-1 (SEQ ID NO:2) y *Colwellia psychrerythraea* (SEQ ID NO:4) se clonaron usando el sistema de PCR Expand High Fidelity (Roche, Applied Science, Indianápolis, IN) con el siguiente par de cebadores:

Shew new 5': tcgagctcgcatatgaagattgagcttttttatacc (SEQ ID NO:9)
 Shew 3': tcttaattaattagtcagccaaactagccgc (SEQ ID NO: 10)
 Colwe new 5': tcgagctcgcatatgacttcttttctcaatctg (SEQ ID NO:11)
 Colwe 3': tcttaattaattagatttctgataaccaagtag (SEQ ID NO: 12).

Los genes se amplificaron durante 25 ciclos con la temperatura de fusión ajustada a 55 °C y 52 °C para las *ppts* de *Shewanella* y *Colwellia*, respectivamente. Los productos de PCR se digirieron NdeI y PaeI y se ligaron en Novagen pACYC-Duet-1 digerido con NdeI- y PaeI (EMD Biosciences, Darmstadt, Alemania) dando como resultado la formación de pMON68081 (figura 1) y pMON68080 (figura 2) respectivamente.

Para clonar la fosfopanteteinil transferasa de *Moritella marina* (*Mm-ppt*), las secuencias de nucleótidos de la *ppt* de *Shewanella* SCRC-2738 (SEQ ID NO:18), la *ppt* de *C. psychrerythraea*, y la *ppt* *S. oneidensis* MR-1 se alinearon para identificar la región más conservada de estas secuencias. Una región de secuencia de nucleótidos conservada en *So-ppt* (pares de bases 425 - 635 de la SEQ ID NO: 2) y *Cp-ppt* (pares de bases 389 - 596 de la SEQ ID NO: 4) se identificó mediante esta alineación y se seleccionó la secuencia en esta región para generar sondas usando ADN

genómico de *C. psychrerythraea* y *S. oneidensis* MR-1 como los ADN de molde y los cebadores a continuación:

Shewanella F1 taggtgtcgatattgagcggg (SEQ ID NO:13)
 Shewanella R1 tcaaaggcaaggattttaac (SEQ ID NO:14)
 Colwellia F1 tcggtgtgatgttgaaaatac (SEQ ID NO:15)
 Colwellia R1 ttaaactaaaatcagcgagt (SEQ ID NO:16).

Se generaron sondas marcadas con digoxigenina usando el kit PCR DIG Probe Synthesis (Roche) según el protocolo del fabricante durante 30 ciclos de 30 s cada uno a 94 °C, 55 °C y 65 °C, seguido de una incubación de 7 min a 65 °C y posterior incubación a 4 °C. Las sondas marcadas con digoxigenina se usaron en una hibridación de tipo Southern con sonda para secuencias homólogas en ADN genómico total de *M. marina* con *S. oneidensis* MR-1 y *C. psychrerythraea* como controles positivos. La hibridación se realizó a 30 °C usando DIG Easy Hyb (Roche) según el protocolo del fabricante. El filtro se lavó dos veces usando 0,5 x SSC, SDS al 0,1 % a temperatura ambiente. Las sondas marcadas con Dig se visualizaron usando el anti-digoxigenina-AP, fragmentos Fab y Dig Wash y Block Buffer Set (Roche) según el protocolo del fabricante.

Las señales más intensas del ADN de *M. marina* se obtuvieron usando la sonda de *Colwellia*. En algunos casos estas señales coincidían con señales débiles obtenidas de ADN de *M. marina* usando la sonda de *Shewanella*.

Basándose en el experimento de hibridación de tipo Southern, los digestos de *BglII* y *PstI* de ADN de *M. marina* se seleccionaron para clonar los fragmentos de hibridación. El ADN genómico total se digirió con *BglII* o *PstI*, se fraccionó por tamaños sobre un gel de agarosa y se cortó el fragmento de tamaño apropiado. Los fragmentos de ADN se purificaron usando el kit de extracción en gel de Qiagen (Qiagen, Valencia, CA). Alícuotas de ADN fraccionado se pasaron sobre un gel de agarosa y se realizó su transferencia sobre una membrana de nailon (Roche, Mannheim, Alemania) usando un Turboblotter (Schleicher & Schuell, Keene, NH), según el protocolo del fabricante. El fragmento objetivo se identificó mediante una hibridación de tipo Southern usando la sonda de *Colwellia*.

La fracción 5 de *BglII* y la fracción 4 de *PstI* se eligieron para generar una biblioteca parcial en pSP72 (Promega, Madison, WI). Estas bibliotecas se transformaron en DH5 α de *Escherichia coli* y se tomaron alícuotas de conjuntos de clones en los pocillos de una placa de 96 pocillos para su crecimiento durante la noche. Las alícuotas de cultivo se centrifugaron, se desechó el sobrenadante y se resuspendieron los sedimentos celulares en 10 μ l de disolución de SDS al 10 %. Los sedimentos celulares se calentaron durante 1 min hasta 100 °C y se colocaron por puntos sobre membranas de nailon (Roche). Se desnaturalizó el ADN mediante una incubación de 5 min en NaOH 0,5 M, que contenía NaCl 1,5 M, se neutralizó mediante incubación de 5 min en Tris/HCl 0,5 M, pH 7,6 que contenía NaCl 1,5 M, se lavó durante 5 min en 2 x SSC, y se fijó mediante una incubación UV de 1 min incubación un UV-Stratalinker 2400 de Stratagene (Stratagene, La Jolla, CA) según el protocolo del fabricante. La transferencia se sondó con la sonda de *ppt* de *Colwellia*. Se siguieron las señales positivas hasta el pocillo de origen y se cultivó en placa una alícuota de estos pocillos con el fin de obtener colonias individuales. Aquéllas colonias individuales se inocularon en 250 μ l de LB que contenía carbampicilina 100 mg/l. Se hicieron crecer células y se repitió el procedimiento de hibridación descrito anteriormente para identificar los pocillos que contenían clones positivos adicionales. Se hicieron crecer clones positivos y se aisló el ADN del plásmido y se digirió con *BglII*, *PvuII*, *PstI*, o *Sall*. Estos digestos se usaron en una hibridación de tipo Southern para confirmar los clones positivos. En este punto se encontró que todos los clones que quedaban eran positivos.

Tres de los clones finales (dos clones de *BglII* y un clon de *PstI*) se eligieron para análisis de secuencia de ADN. Análisis de bioinformática de la secuencia completa revelaron que el clon de *PstI* contenía sólo una *Mm-ppt* parcial, mientras que los clones de *BglII* contenían el marco de lectura abierto completo. La secuencia de ADN completa de los tres clones se ensambló en un cóntigo. Se eligió un clon de *BglII* para experimentos de clonación adicionales (pMON96400). La secuencia de aminoácidos putativa de la *Mm-ppt* se muestra en la SEQ ID NO:5 si el codón de iniciación es TTG (denominado *Mm-ppt long*). Un codón de iniciación alternativo usando Met se encuentra en el aminoácido 43 de la SEQ ID NO:5 (proporcionando un polipéptido denominado *Mm-ppt short* SEQ ID NO:7). La secuencia de ácido nucleico de *Mm-ppt long* es la SEQ ID NO:6. La secuencia de ácido nucleico de *Mm-ppt short* se muestra en la SEQ ID NO:8. Una comparación de la relación de aminoácidos de las Ppt de la invención se muestra en la tabla 1.

Tabla 1: Identidad de secuencia de aminoácidos de fosfopanteteinil transferasas

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

Ejemplo 2**Expresión de secuencias de fosfopanteteinil transferasa en *Escherichia coli***

- Para demostrar la funcionalidad de las *ppts* que se describen en el ejemplo 1, se clonaron los genes de poliquétido sintasa (PKS) de *Moritella marina* en los vectores pDUET de Novaen (EMD, Biosciences, Darmstadt, Alemania), un conjunto de 4 vectores de expresión de *E. coli* compatibles. Esta PKS consiste en 4 polipéptidos codificados por los ácidos nucleicos *orf5* (SEQ ID NO: 20), *orf6* (SEQ ID NO:22), *orf7* (SEQ ID NO:24) y *orf8* (SEQ ID NO:26), que se describen como *orf6*, *orf7*, *orf8*, y *orf9* en el documento US 6.140.486, respectivamente. Los vectores de expresión pMON94547 (Orf5 y Orf6) (figura 3), pMON94544 (Orf7) (figura 4) y pMON94534 (Orf8) (figura 5) se construyeron usando 3 de los vectores pDUET. El cuarto vector pDUET se usó para la expresión de *ppt*.
- Para obtener una PKS enzimáticamente activa, el producto de expresión de Orf5 requiere pantetenilación, que está catalizada por el Ppt. Cada una de las *ppts* bacterianas se clonó en pACYC-DUET-1. La construcción de pMON68081 y pMON68080 se describe en el ejemplo 1. De manera similar las dos *ppts* de *M. marina* putativas, *Mm-ppt short* o *Mm-ppt long*, se clonaron en el mismo vector de base que las *ppts* de *Colwellia* y *Shewanella* para producir pMON68084 (figura 6) y pMON68085 (figura 7), respectivamente. El cebador de PCR™ *Mm-ppt long* (SEQ ID NO:27) cambió el inicio de TTG putativo a un ATG. Cada *ppt* se expresa entonces junto con los genes de PKS de *M. marina* en *E. coli*, se incubó durante 24 h, y se mutilan las células de *E. coli* liofilizadas directamente con ácido sulfúrico/metanol, y se analizan los ésteres metílicos de ácido graso para determinar el contenido en EPA y DHA mediante cromatografía de gases. Los resultados se muestran a continuación en la tabla 2.

Tabla 2

Combinación de genes	DHA producido
PKS sólo	No
PKS + Mm-ppt long	Sí
PKS + Mm-ppt short	Sí
PKS + So-ppt	Sí
PKS + Cp-ppt	Sí
PKS -Orf8 + Cp-ppt	No

- La coexpresión de la PKS de *Moritella marina* completa con cualquiera de las fosfopanteteinil transferasas sometidas a ensayo en *E. coli* dio como resultado la acumulación de DHA, mientras que la expresión de la PKS de *M. marina* sin coexpresión de una Ppt no dio como resultado la acumulación de DHA. La coexpresión del Cp-ppt con una PKS incompleta (Orf8 ausente) tampoco dio como resultado la acumulación de DHA. Estos resultados demuestran que todas las PPT sometidas a ensayo pantetenizaron la PKS de *M. marina* dando como resultado la formación de un complejo multienzimático activo.

- Se ha demostrado que Orf7 (Orf8 en la patente de los Estados Unidos 6.140.486) controla la longitud de cadena en el producto final de PKS que producen PUFA. La PKS de *Shewanella putrefaciens* produce EPA. En experimentos en *E. coli* que contienen la agrupación de PKS de *S. putrefaciens*, un mutante de delección de *orf7* produjo DHA cuando se complementó con *orf7* de *Moritella marina*. La Ppt usada para activar la PKS no cambia el producto, por tanto las Ppts de esta invención se usan para producir EPA cuando se combinan una PKS productora de EPA y DHA cuando se combinan con una PKS productora de DHA.

Ejemplo 3**Expresión de secuencias de fosfopanteteinil transferasa en plantas**

- Para demostrar la capacidad de PKS de *M. marina*, incluyendo la *ppt* de *M. marina*, para sintetizar DHA en plantas, se generaron varios casetes de expresión vegetal. Los genes para *orf5-8* se modificaron para la expresión en plantas dicotiledóneas. Se sabe que secuencias que codifican para proteínas no endógenas pueden no expresarse bien en plantas (patente de los Estados Unidos 5.880.275, incorporada como referencia en el presente documento). Por tanto, usando las secuencias de polipéptido de PKS nativas para Orfs5-8 (SEQ ID NO: 19, 21, 23 y 25), se diseñaron secuencias de polinucleótido que codifican para proteínas artificiales y se construyeron mediante 1) usando un sesgo de uso de codón similar al de proteínas de soja altamente expresadas, y mediante 2) eliminación de elementos que desestabilizan el ARN previamente caracterizados y que se sabe que afectan a la estabilidad del ARNm en la planta (patente de los Estados Unidos 5.880.275) y mediante la introducción de una secuencia Kozak antes del codón de iniciación de ATG (Joshi y col., 1997). Las secuencias de polinucleótido resultantes codifican para polipéptidos idénticos en secuencia a los polipéptidos nativos.

45

El vector binario pMON97063 (figura 8) contiene los casetes de expresión para *orf5* (modificado con codón, SEQ ID NO:28) (bajo el control del promotor FMV.35S-enh con el líder L-Ph.DnaK) y *Mm-ppt short* (SEQ ID NO:8) (bajo el control del promotor CaMV35S-enh y el líder L-CaMV35S). Este vector porta el gen Bar como marcador seleccionable. El vector binario pMON94563 (figura 9) se generó clonando los casetes de expresión para *orf6* (modificado con codón, SEQ ID NO:29) (bajo el control del promotor CaMV35S-enh con el líder L-CaMV35S) *orf7* (modificado con codón, SEQ ID NO:30) (bajo el control del promotor FMV35S-enh con el líder L-Ph.DnaK), y *orf8* (modificado con codón, SEQ ID NO:31) (bajo el control del promotor CaMV35S-enh con el líder L-CaMV35S). pMON94563 porta el marcador CP4 que proporciona resistencia a glifosato. El vector binario pMON97066 (figura 10) contiene los mismos casetes de expresión como pMON94563, pero con el casete de *orf7* precediendo al casete de *orf6* en lugar de siguiéndolo. Se verificó la secuencia de todos los constructos mediante secuenciación de ADN.

Los pares de vectores binarios pMON97063 y pMON94563 o pMON97063 y pMON97066 se cotransformaron en *Arabidopsis thaliana* usando transformación mediada por *Agrobacterium*. Las plantas se regeneraron y el material de las hojas de las plantas de *Arabidopsis* R1 transformadas y semilla R2 de estas plantas se analiza para determinar la composición y el contenido en ácido graso.

Para generar un único vector binario de múltiples genes que alberga los 4 genes de PKS y la *ppt* del vector binario de bajo número de copias pMON83934 se digirió con *HindIII* y *NotI* y se ligó con un poliligador que consiste en los oligómeros de ADN MCS-3 (SEQ ID NO:32) y MCS-4 (SEQ ID NO:33). El vector resultante se designó pMON68091. Los casetes de expresión para *orf6*, *orf7*, *orf8* y el marcador seleccionable CP4 se cortaron mediante digestión con *HindIII/BsiWI* de pMON94563 y se ligaron en pMON68091 digerido con *HindIII/BsiWI*. El vector binario resultante se digiere con *Ascl* y *BsiWI* y se liga con los casetes de expresión que contienen *orf5* y *Mm-ppt* de pMON97063 cortado mediante digestión con *BsiWI/Ascl*. El vector binario resultante, pMON96401 (figura 11), se transforma a través de transformación mediada por *Agrobacterium* en *Arabidopsis thaliana* y soja. Las plantas se regeneran y el material de hoja y de semilla de estas plantas se analizan para determinar la composición y el contenido en ácido graso.

48 acontecimientos de R1 que contienen pMON96401 se generaron en *Arabidopsis*. Se analizó semilla de R2 madura a partir de este estudio mediante cromatografía de gases. 9 de los 48 acontecimientos analizados produjeron DHA (tabla 3).

Tabla 3 Contenido en DHA de semilla que contiene pMON96401

Acontecimiento	Constructo	Generación	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
AT_G3748	pMON96401	R2	0,02
Control		VARIEDAD	0

La caracterización molecular de 4 acontecimientos que contienen DHA de *Arabidopsis* de R2 transformada con semilla de pMON96401 se representan en la tabla 4. Los datos demuestran que los acontecimientos que produjeron DHA eran positivos para la presencia de los 5 transgenes tal como se determina mediante el ensayo de punto final TaqMan® (Applied Biosystems, Foster City, CA).

Tabla 4 Presencia de gen de pMON96401 de *Arabidopsis*

Muestra	DHA	PKS5	PKS-Ppt	PKS6	PKS7	PKS8
Control	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

En la generación R3 de semilla de *Arabidopsis* de pMON96401, el fenotipo persistió con un intervalo de DHA del 0,025-0,1 % DHA mediante cromatografía de gases. El pico de cromatografía de gases se confirmó como DHA mediante cromatografía de gases /espectrometría de masas de tiempo de vuelo con aceite de pescado como patrón.

5 Para la expresión específica de semilla de la PKS de *Moritella marina*, los genes nativos o modificados con codón se clonan como casetes de expresión de genes individuales usando promotores específicos de semilla tales como p7Sa, p7Sa', Arcelina-5, USP88, pNapin, pFAE o pOleosin. Posteriormente estos casetes de expresión se ensamblan para combinar los cinco genes en un único vector binario usando un vector binario de bajo número de copias tal como pMON83934 como vector de base. Los vectores de cinco genes resultantes (albergando cada uno de ellos los cuatro genes de PKS más el casete de expresión de ppt) pueden contener los casetes de expresión en un orden o una orientación variables uno con respecto a otro. Estos vectores se transforman en soja y la semilla de soja resultante se analiza para determinar la composición y el contenido en ácido graso.

15 Un ejemplo de un vector de múltiples genes para la expresión específica de semilla de la PKS de *M. marina* y ppt de *M. marina* sigue. Los casetes de expresión para la expresión específica de semilla de los genes de ppt y PKS potenciada por codón de dicotiledónea se ensamblan tal como se describe en la tabla 5. Los casetes de expresión se ensamblan en la orientación de la cabeza a la cola dando como resultado la formación de pMON78528 (figura 12). Este vector binario se transforma en soja y *Arabidopsis* usando transformación mediada por *Agrobacterium* y la semilla resultante se analiza para determinar la composición y el contenido en ácido graso.

Tabla 5: Casetes de expresión específicos de semilla para PKS de *M. marina*.

PROMOTOR	GOI	3'UTR
napina (SEQ ID NO:35)	<i>Mm-ppt short</i> (SEQ ID NO:34)	napina 3' (SEQ ID NO:36)
Arcelina 5	<i>Orf7</i> (SEQ ID NO:30)	Arcelina 5 3'
7Sa'	<i>Orf6</i> (SEQ ID NO:29)	7Sa' 3'
7Sa	<i>Orf8</i> (SEQ ID NO:31)	nos 3'
USP88.	<i>Orf5</i> (SEQ ID NO:28)	Adr12

20 Para demostrar la capacidad de la PKS de *M. marina*, junto con la ppt de *M. marina*, para sintetizar DHA en maíz, se generan varios casetes de expresión vegetal. Los genes para los *orfs* 5-8 y una ppt se modifican para la expresión en plantas monocotiledóneas. Se sabe que secuencias codificantes de proteínas no endógenas pueden no expresar bien plantas (patente de los Estados Unidos 5.880.275, incorporada como referencia en el presente documento). Por tanto, usando las secuencias de polipéptido de Orf y Ppt nativas descritas anteriormente, se diseñan secuencias de polinucleótido que codifican para proteínas artificiales mediante 1) usando un sesgo de uso de codón similar al de proteínas de maíz altamente expresadas, y mediante 2) eliminación de elementos que desestabilizan el ARN previamente caracterizados y que se sabe que afectan a la estabilidad del ARNm en la planta (patente de los Estados Unidos 5.880.275). Las secuencias de polinucleótido modificadas resultantes codifican para polipéptidos idénticos en secuencia a los polipéptidos nativos. Se obtienen explantos transformados a través de transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens* para vectores que contienen secuencias de polinucleótidos modificados.

30 Las plantas se regeneran a partir del tejido transformado. Las plantas que crecen en invernadero se analizan entonces para determinar los niveles de expresión de gen de interés así como composición de aceite, incluyendo DHA o EPA.

Ejemplo 4

Clonación de secuencias de poliquétido sintasa

35 Ocho genes de poliquétido sintasa candidatos se clonaron a partir de 2 especies. Las secuencias de aminoácidos deducidas de genes de PKS de *M. marina* (SEQ ID NO: 19, 21, 23 y 25) se usaron para buscar en bases de datos disponibles genes de poliquétido sintasa novedosos en *Shewanella oneidensis* (ATCC N.º 700550) y *Colwellia psychrerythrae* (ATCC N.º BAA-681). *S. oneidensis* acumula EPA mientras que *C. psychrerythrae* acumula DHA. Basándose en esto, se creyó que la producción de PUFA en estas bacterias resultaría de un mecanismo de PKS. La búsqueda produjo un conjunto de 4 genes de PKS candidatos de cada bacteria. Usando técnicas de clonación de PCR, estos genes se clonaron en vectores de clonación TOPO, se verificaron las secuencias y se subclonaron en vectores de expresión Duet (véase la tabla 6). La expresión del *orf5* de *S. oneidensis* junto con los *orf6*, *orf7*, *orf8* de *M. marina*, y ppt en *E. coli* se descubrió que daba como resultado la formación de hasta un 0,2 % de DHA tal como se determina mediante cromatografía de gases, confirmando la función predicha del *orf5* de *S. oneidensis*. De manera similar, la función de cada gen enumerada en la tabla 6 se confirma mediante la expresión con los genes de PKS de *M. marina* en *E. coli* o mediante la expresión del gen de PKS completo de *Shewanella* o *Colwellia* o una combinación de las dos especies en *E. coli*. Alternativamente la función se demuestra en plantas.

Tabla 6: Vectores de expresión de *E. coli* para genes de PKS de *Shewanella* y *Colwellia*.

Organismo fuente	Denominación del gen	Vector de expresión de <i>E. coli</i>
<i>Shewanella oneidensis</i>	<i>orf5</i> SEQ ID NO: 37	pMON108255
<i>Shewanella oneidensis</i>	<i>orf6</i> SEQ ID NO: 38	pMON108256
<i>Shewanella oneidensis</i>	<i>orf7</i> SEQ ID NO: 39	pMON108258
<i>Shewanella oneidensis</i>	<i>orf8</i> SEQ ID NO: 40	pMON108259
<i>Moritella marina</i> <i>Shewanella oneidensis</i>	<i>orf6</i> SEQ ID NO: 22 <i>orf5</i> SEQ ID NO: 37	pMON108252
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	<i>orf5</i> SEQ ID NO: 41	pMON108267
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	<i>orf7</i> SEQ ID NO: 43	pMON108269
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	<i>orf8</i> SEQ ID NO: 44	pMON108270
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	<i>orf5</i> SEQ ID NO: 41 <i>orf6</i> SEQ ID NO: 42	pMON108268

Bibliografía

Patente de los Estados Unidos 4.518.584, patente de los Estados Unidos 4.737.462, patente de los Estados Unidos 4.810.648, patente de los Estados Unidos 4.957.748, patente de los Estados Unidos 4.965.188, patente de los Estados Unidos 5.094.945, patente de los Estados Unidos 5.100.679, patente de los Estados Unidos 5.176.995, patente de los Estados Unidos 5.196.525, patente de los Estados Unidos 5.219.596, patente de los Estados Unidos 5.290.924, patente de los Estados Unidos 5.322.783, patente de los Estados Unidos 5.359.142, patente de los Estados Unidos 5.424.398, patente de los Estados Unidos 5.424.412, patente de los Estados Unidos 5.500.365, patente de los Estados Unidos 5.538.880, patente de los Estados Unidos 5.550.318, patente de los Estados Unidos 5.563.055, patente de los Estados Unidos 5.610.042, patente de los Estados Unidos 5.627.061, patente de los Estados Unidos 5.633.435, patente de los Estados Unidos 5.641.876, patente de los Estados Unidos 5.880.275, patente de los Estados Unidos 5.936.069, patente de los Estados Unidos 6.005.076, patente de los Estados Unidos 6.040.497, patente de los Estados Unidos 6.140.486, patente de los Estados Unidos 6.140.486, patente de los Estados Unidos 6.140.486, patente de los Estados Unidos 6.146.669, patente de los Estados Unidos 6.156.227, patente de los Estados Unidos 6.265.638, patente de los Estados Unidos 6.319.698, patente de los Estados Unidos 6.433.252, patente de los Estados Unidos 6.451.567, solicitud de los Estados Unidos 10/235.618, solicitud de los Estados Unidos 10/429.516, publicación de los Estados Unidos 20040039058, publicación de los Estados Unidos 20040235127

Allen y Bartlett, *Microbiology*, 148(Pt 6):1903-1913, 2002.

Baerson y col., *Plant Mol. Biol.*, 22(2):255-267, 1993.

Barany y col., *Int. J. Peptide Protein Res.*, 30:705-739, 1987.

Bauer y col., *Gen*, 37:73, 1985.

Belanger y Kriz, *Genet.*, 129:863-872, 1991.

Bevan y col., *Nucleic Acids Res.*, 11(2):369-385, 1983.

Bodanszky, In: *Principles of Peptide Synthesis*, Springer-Verlag, Heidelberg, 1984.

Bustos, y col., *Plant Cell*, 1(9):839-853, 1989.

Callis y col., *Genes Dev.*, 1:1183-1200, 1987.

Chandler y col., *Plant Cell*, 1:1175-1183, 1989.

Chen y col., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 83:8560-8564, 1986.

Chu y col., *Scientia Sinica*, 18:659-668, 1975.

De Deckerer, *Eur. J. Clin. Nutr.*, 52:749, 1998.

DeBlock y col., *EMBO J.*, 6:2513-2519, 1987.

Ebert y col., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 84:5745-5749, 1987.

Freitag y Selker, *Curr. Opin. Genet. Dev.*, 15(2):191-199, 2005.

Gallie y col., *The Plant Cell*, 1:301, 1999.

Hong y col., *Plant Mol. Biol.*, 34(3):549-555, 1997.

Hudspeth y Grola, *Plant Mol. Biol.*, 12:579-589, 1989.

Ingelbrecht y col., *Plant Cell*, 1:671-680, 1989.

James y col., *Semin. Arthritis Rheum.*, 28:85, 2000.

Joshi y col., *Plant Mol. Biol.*, 35(6):993-1001 1997.

Joshi, *Nucleic Acids Res.*, 15:6643-6653, 1987.

Kridl y col., *Seed Sci. Res.*, 1:209-219, 1991.

Kridl y col., *Seed Sci. Res.*, 1:209-219, 1991.

Lawton y col., *Plant Mol. Biol.* 9:315-324, 1987.

Lopes y col., *Mol. Gen. Genet.*, 247:603-613, 1995.

Maniatis, y col., *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989.

Manzioris y col., *Am. J. Clin. Nutr.*, 59:1304, 1994. Maundrell, *J. Biol. Chem.*, 265(19):10857-10864, 1990.

McElroy y col., *Mol. Gen. Genet.*, 231(1):150-160, 1991.

Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.*, 85:2149-2154, 1963.

Metz y col., *Science*, 293(5528):290-293, 2001.

- Misawa y col., Plant J., 4:833-840, 1993.
 Misawa y col., Plant J., 6:481-489, 1994.
 Murashige y Skoog, Physiol. Plant, 15:473-497, 1962.
 Naylor y col., Nature, 405:1017, 2000.
- 5 Solicitud PCT WO 04071467A2
 Solicitud PCT WO 05103253A1
 Solicitud PCT WO 2002/50295
 Solicitud PCT WO 95/06128
 Solicitud PCT WO 96/33155
- 10 Pedersen y col., Cell, 29:1015-1026, 1982.
 Recombinant DNA Part D, Methos in Enzymology, Vol. 153, Wu y Grossman, eds., Academic Press, 1987.
 Richins y col., Nucleic Acids Res., 20:8451, 1987.
 Riggs, y col., Plant Cell, 1(6):609-621, 1989.
 Russell y col., Transgenic Res., 6(2):157-168, 1997.
- 15 Sambrook y col., In: Molecular cloning: a laboratory manual, 2ª Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.
 Sathasiivan y col., Nucl. Acids Res., 18:2188-2193, 1990.
 Simopoulos y col., Am. Coll. Nutr., 18:487, 1999.
 Simopoulos, Can. J. Physiol. Pharmacol. 75:234-239, 1997
- 20 Slocombe y col., Plant Physiol., 104(4):167-176, 1994.
 Stacey y col., Plant Mol. Biol., 31:1205-1216, 1996.
 Sullivan y col., Mol. Gen. Genet., 215(3):431-440, 1989.
 Turner y Foster, Molecular Biotech., 3:225, 1995.
 Vasil y col., Plant Physiol., 91:1575-1579, 1989.
- 25 Walder y col., Gen, 42:133, 1986.
 Walker y col., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84:6624, 1987.
 Wang y col., Molec. Cell. Biol., 12(8):3399-3406, 1992.
 Wohlleben y col., Gen, 70:25-37, 1988.
 Yang y col., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:9568-9572, 1990.
- 30 <110> SOLICITANTE: Valentin, Henry
 Peng, Jiexin
 Screen, Steven
- <120> TÍTULO DE LA INVENCIÓN: Fosfopanteteinil transferasas de bacterias
- 35 <130> ARCHIVO DE REFERENCIA: MONS:097wo
- <140> NÚMERO DE SOLICITUD ACTUAL: PCT/US07/61314
 <141> FECHA DE PRESENTACIÓN ACTUAL: 30-01-2007
- 40 <150> NÚMERO DE SOLICITUD ANTERIOR: 11/668.354
 <151> FECHA DE PRESENTACIÓN ANTERIOR: 29-01-2007
- <150> NÚMERO DE SOLICITUD ANTERIOR: 60/763644
 <151> FECHA DE PRESENTACIÓN ANTERIOR: 31-01-2006
- 45 <160> NÚMERO DE SEC ID NO: 44
- <170> SOFTWARE: PatentIn versión 3.3
- 50 <210> SEC ID NO 1
 <211> LONGITUD: 318
 <212> TIPO: PRT
 <213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*
- 55 <400> SECUENCIA: 1

ES 2 400 276 T3

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
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
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
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
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
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
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
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> SEC ID NO 2
5 <211> LONGITUD: 957
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*

<400> SECUENCIA: 2

10

ES 2 400 276 T3

60 atgaagattg agcttttttt tataaccatta gccgagatgg atgctgaaat ggtgagccgt
 120 tgtatggcgc tgttgagtga ggacgagcgt gcaaaagtgg cgcgttacct tgcgcccag
 180 gcgcaaatga atggcttatt ggtgagcgc gcgctgcgct gtgtcttata tcaagggctg
 240 caatctccaa atgaatcttc acttaacgca ttttcateta acacaggctc actaccatt
 300 gctcccagaag attggtggtt tgagtatggg gcaaagggca aaccagtct ctgccatgag
 360 cagtttctga agacgggtat tgagttaaac ttaagccaca gtggcgactg gttattgata
 420 gccttggcgc aaggcgggc tcatacaaaa ttcacgatc aaagtgcaa aactcgctta
 480 ggtttagggtg tcgatattga gcgggcccgc gcaagcacia atatttacc cattctgaat
 540 cattatttt ctgcgcgaga aaccgaggcg ctactggcat tgccgggcga aaccgcccac
 600 cgccaacgat tttttgacct gtgggcgctt aaagagtctt acatcaaggc aacaggttta
 660 ggettagcgc agtcgttaa atcctttgcc tttgagttga tgctgatgc acttgctgag
 720 gtccatccca atcaagtagc gcttcgccat gaatgggttg aacttaaaag gcgagaacc
 780 tttgcgttac caagccagct taaattgtat tgcgagatta agcctacggc ggcgtttctg
 840 cccgattctg cgcacccgc gccagaaaac ttgcacgtgc aaagctactt tggctggctt
 900 gatgaggaat atcgctttgg cttgagtctc attcatccta acgcgctatc gaatgtgcag
 957 atttcgatga cgcttgccag catcaaatcg ttgttagcgg ctagtgtggc tgactaa

<210> SEC ID NO 3

<211> LONGITUD: 282

5 <212> TIPO: PRT

<213> ORGANISMO: *Colwellia psychrerythraea*

<400> SECUENCIA: 3

10 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

ES 2 400 276 T3

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
 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
 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
 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
 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
 Thr Leu Pro Leu Leu Gly Tyr Gln Glu Ile
 275 280

<210> SEC ID NO 4
 <211> LONGITUD: 849
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Colwellia psychrerythraea*

<400> SECUENCIA: 4

atgacttctt tttctcaatc tgaactctcc actogaacaa aagaaaagct cgaccttgct
 60
 gccaatgaaa ttcatatatg ggtaacacaa 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
 gaagttatta attgcccact gccgctgcgc tttaacatca gccatacaaa aaatcttata
 360
 atttgcgcgg taacgcttga ggatgatac ggttgatg ttgaaaatac cggccgcaac
 420
 aataatgtat tagcgattgc tgaacgttat ttttcttcta aagaaataga tgaacttttt
 480
 gcgctgccag aagcacaaca acgcaatcgg ttttttgatt attggacatt aaaagagtct
 540
 tatattaaag cttggggttt aggttttagcg ataccactcg ctgatttttag ttttaaaatt
 600

ES 2 400 276 T3

660 aacgataccg aacataatca taacggttta ttactatca agcaggacat taacctaagc
 720 tttgctgagc atagagtaga tgaaccacaa atttggcgta gctggtagt ttaccaacg
 780 gctgccatag atgaaaaaca agaacaccgc atcgctgtat cgtaaagagc aaccagcgac
 840 aatcaaaaaa ctgactacca attacgtttc ttaataccc tgcccctact tggttatcag
 849 gaaatctaa

<210> SEC ID NO 5
 <211> LONGITUD: 329
 5 <212> TIPO: PRT
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*
 <400> SECUENCIA: 5

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
		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
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
	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	
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
	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		
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
	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											

10

<210> SEC ID NO 6
 <211> LONGITUD: 990
 <212> TIPO: ADN
 15 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

ES 2 400 276 T3

<400> SECUENCIA: 6

60 ttggtacagc ttaaaccta tgacgaaaca agattacgca gtgatggggt taattacctt
 120 ggtggtaacc ttagctatta tcaagcgtgt aatggcaagc gaattattct ggtatccatt
 180 ctaattatgt acagcggcgt aaaagataag ctcaccctca ctacaaatga aatccattta
 240 tggtcgggta ctccgcaaac tatccaacag cctgaattat tacaggctta tagccaactg
 300 ttatcacctg cagaaacaat aaaacaacaa cgctttcgat ttgaaaaaga tcgtcacaat
 360 gctctcatca ctogtgcttt cgcccgatgat ttattatctc actatgcaga tgttttaccg
 420 gctgattggc agtttgtgaa gggggaaaag gataaaccag agatagcgaa tccccactc
 480 ccaactgcgt ttaatattag tcataccgat aacttaatca tttgtgccgt catgctcaat
 540 gatgatatcg gttgtgatgt cgaaaataca ctgcgtagca gtaatgtctt gagtattgct
 600 aacattcat tctcagatag tgaattcaat gatttactta ctcaaccac tgcaacaaca
 660 accagtcggt tttttgatta ctggacgta aaagaatctt atatcaaagc atggggcttg
 720 ggtttatcga tcccgttgaa agatttcagc ttcacgctac ccgaaggctt tcaacagcag
 780 tatcaacaag aagatcagca agaaaaccag cattgtattg ataccattaa attaagcttt
 840 gcacctcacc gtattgataa tcccaacatt tggcgtcatt ggctgttcta tccaaataat
 900 acccacagag ttgcactggc tgtgcgcgcg cgaagtaata atcagcagac tgaatataaa
 960 atgcgatttt ttaattcgac accactgatt aatatcactg aaacacttat ttttaaactt
 990 gagactaatt ttaaacctga cgctaaatag

5

<210> SEC ID NO 7
 <211> LONGITUD: 287
 <212> TIPO: PRT
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

10

<400> SECUENCIA: 7

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
		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
 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
 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
 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
 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
 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> SEC ID NO 8
 <211> LONGITUD: 864
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

5

<400> SECUENCIA: 8

60 atgtacagcg gcgtaaaaga taagctcacc ctcaactacaa atgaaatcca tttatggctcg
 120 gttactccgc aaactatcca acagcctgaa ttattacagg cttatagcca actggtatca
 180 cctgcagaaa caataaaaca acaacgcttt cgatttgaaa aagatcgta caatgctctc
 240 atcaactcgtg ctttcgctcg tgatttatta tctcaactatg cagatgtttt accggetgat
 300 tggcagtttg tgaaggggga aaaggataaa ccagagatag cgaatcccc actcccactg
 360 cgctttaata ttagtcatac cgataactta atcatttggtg ccgtcatgct caatgatgat
 420 atcggttgtg atgtcgaaaa tacactgcgt agcagtaatg tcttgagtat tgctaaacat
 480 tcattctcag atagtgaatt caatgattta ctactcaac cactgcaca acaaaccagt
 540 cgtttttttg attactggac gttaaaagaa tcttatatca aagcatgggg cttgggttta
 600 tcgatcccg tgaagattt cagcttcacg ctaccogaag gctttcaaca gcagtatcaa
 660 caagaagatc agcaagaaaa ccagcattgt attgatacca ttaaattaag ctttgcacct
 720 caccgtattg ataatcccaa catttggcgt cattggctgt tctatccaaa taatcccac
 780 agagttgcac tggctgtgcg cgcgcgaagt aataatcagc agactgaata taaaatgcga

10

ES 2 400 276 T3

840 ttttttaatt cgacaccact gattaatatac actgaaacac ttatttttaa acctgagact
864 aatttttaaac ctgacgctaa atag

5 <210> SEC ID NO 9
<211> LONGITUD: 38
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

10 <220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

<400> SECUENCIA: 9

38 tcgagctcgc atatgaagat tgagcttttt tttatacc

15 <210> SEC ID NO 10
<211> LONGITUD: 31
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

20 <220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

<400> SECUENCIA: 10

31 tcttaattaa ttagtcagcc aaactagccg c

25 <210> SEC ID NO 11
<211> LONGITUD: 34
<212> TIPO: ADN.
30 <213> ORGANISMO: Artificial

<220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

35 <400> SECUENCIA: 11

34 tcgagctcgc atatgacttc tttttctcaa tctg

40 <210> SEC ID NO 12
<211> LONGITUD: 34
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

45 <220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

<400> SECUENCIA: 12

34 tcttaattaa ttagatttcc tgataaccaa gtag

50 <210> SEC ID NO 13
<211> LONGITUD: 21
<212> TIPO: ADN
55 <213> ORGANISMO: Artificial

ES 2 400 276 T3

<220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

<400> SECUENCIA: 13

5

21

taggtgtcga tattgagcgg g

<210> SEC ID NO 14
<211> LONGITUD: 21
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

10

<220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

15

<400> SECUENCIA: 14

21

tcaaaggcaa aggattttaa c

<210> SEC ID NO 15
<211> LONGITUD: 22
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

20

<220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

25

<400> SECUENCIA: 15

22

tcggttgtga tgttgaaaat ac

30

<210> SEC ID NO 16
<211> LONGITUD: 21
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

35

<220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

40

<400> SECUENCIA: 16

21

ttaaaactaa aatcagcgag t

<210> SEC ID NO 17
<211> LONGITUD: 329
<212> TIPO: PRT
<213> ORGANISMO: *Shewanella* sp. SCRC-2738

45

<400> SECUENCIA: 17

ES 2 400 276 T3

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
 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
 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
 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
 145 150 155 160
 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
 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
 225 230 235 240
 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
 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
 305 310 315 320
 Val Val Arg Ala Ser Ala Lys Thr Ser
 325

<210> SEC ID NO 18
 <211> LONGITUD: 990
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Shewanella* sp. SCRC-2738

<400> SECUENCIA: 18

ES 2 400 276 T3

60 . ttgctaactt ctcgattgat ttccttatac ttctgtccgt taacaatata agagtgcgat
120 aaccagacta cagagttggt taagtcatgg ctgcctgaag atgagttaat taaggttaat
180 cgctacatta aacaagaagc taaaactcaa ggtttaatgg taagaggcta ttgcgcgct
240 ttattgtcac aacatagtga aatacgcccc aatgaatggc gctttgaata tggcgacaaa
300 ggtaagccta gattgagtga tgcgcaattt gctcaaaccg gggccactt taatgtgagt
360 catagtggag attggctatt agtaggcatt tgcactgctg ataataaagg cgccagtcag
420 gcaagcaagg aggaaactga ctctgctagt attgagtttg gcgctgacat tgagcgttgc

480 cgtaacagca ccaatatcca ctctattctt agtcattatt tctctgaatc agaaaagcga
540 gccttgtag cgttaccaga ggccttgag cgagaccgct tttttgattt gtgggcgctc
600 aaggagtctt acattaaagc gaaaggactt gggctggcat tctcgctaaa atcttttgcg
660 tttgacttct ctgcaactgg cgaaaacttt cttggagtta atgcacctaa aagcttgagc
720 cattgtgttg atatttccga tgctattgog gatcacaagg ttgagcatca acttaatcag
780 cgacaggttt tgttaaaaca agatattggt cttgctttac tagagtcgag ttctaataag
840 cctaacgctg agccacaaaa gtctggttta ggtttgattg aggctaaaga acagcaaag
900 aacgctgctg ataattggca ttgtttactg ggccatcttg atgatagtta tcgttttgca
960 ctgagtattg gtcagtgtca gcaaataagt attgcagcag aagaagtgaa ttttaaagct
990 gttgttcgag cttcagctaa gactagctag

<210> SEC ID NO 19
<211> LONGITUD: 2652
5 <212> TIPO: PRT
<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 19

ES 2 400 276 T3

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
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
		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
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
		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
Ser	Asp	Leu	Leu	Glu	Tyr	Arg	Ser	Glu	Val	Met	Ile	Ser	Gly	Gly	Val
				245					250					255	

ES 2 400 276 T3

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
 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
 Ile Gly Thr Ser Ser Asp Gly Arg Phe Lys Ser Ile Tyr Ala Pro Arg
 325 330 335
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 705 710 715 720
 Tyr Met Met Leu Ala Arg Ser Arg Gly Gln Ala Met Ala Ala Pro Glu
 725 730 735

ES 2 400 276 T3

Gln Gln Asp Phe Asp Ala Gly Lys Met Ala Ala Val Val Gly Asp Pro
 740 745 750
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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

ES 2 400 276 T3

Ala Pro Thr Gln Glu Ile Ala	Pro Thr Val Ala Thr	Thr Pro Ala
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
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
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
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
1370	1375	1380
Ser Met Asp Met Glu Ala Val	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
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
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
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
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
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
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

ES 2 400 276 T3

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
	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			
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
	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			
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
	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			
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
	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			
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
	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			
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
	2090					2095					2100			

ES 2 400 276 T3

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			
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
	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			
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
	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			
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
	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			
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
	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			
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
	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			
Cys	Gln	Ile	Thr	Asp	Val	Ala	Thr	Ala	Lys	Gln	Gly	Ser	Phe	Pro
	2540					2545					2550			

ES 2 400 276 T3

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
	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			
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						
	2645					2650								

<210> SEC ID NO 20

<211> LONGITUD: 7959

5 <212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 20

```

60   atggctaaaa agaacaccac atcgattaag cacgcccaagg atgtgттаag tagtgatgat
120  caacagttaa attctcgctt gcaagaatgt ccgattgcca tcattgggat ggcacggtt
180  tttgcagatg ctaaaaactt ggatcaattc tgggataaca tcgttgactc tgtggacgct
240  attattgatg tgcctagcga tcgctggaac attgacgacc attactcggc tgataaaaaa
300  gcagctgaca agacatactg caaacgcggt ggtttcattc cagagcttga ttttgatccg
360  atggagtttg gtttaccgcc aaatatcctc gagttaactg acatogctca attgттtgca
420  ttaattgттg ctcgтgatgt attaagtgat gctggcattg gtagtgatta tgaccatgat
480  aaaattggta tcacgctggg tгcгgtgгt ggtcagaaac aaatttcgcc attaacгtгc
540  gcctacaag gcccggtatt agaaaaagta ttaaaгcct caggcattga tgaagatgat
600  gcgctatga tcatcgacaa atttaaaaaa gcctacatcg gctgggaaga gaactcattc
660  ccaggcatgc taggтаacgt tattгctgгt cgtatcgcca atcgттttga tттtgгtггt
720  actaactgтg тgгттgatgc ggcатгcгct ggtcccttg cagctgттaa aatggcгatc
780  tcagacttac ttgaatatcg ttcagaagtc atgatatcgg gtgгtгtatg ttгtgataac
840  tcgccattca tgtatatgтc attctcgaaa acaccagcat ttaccaccaa tgatgatatc
900  cgtccgттtg atgacgattc aaaaggcatg ctgгттgгtг aaggтattgг catgatgгcг
960  tttaaacгtc ttgaagatgc tgaacгtgac ggcгacaaaa tttattctgt actgaaaggt
1020 atcggtacat cttcagatgg tcgттtcaaa tctatttacg ctccacgccc agatggccaa
1080 gcaaaagcгc taaaacгtgc ttatgaagat gccgгттttg cccctgaaac atgтgгtcta
1140 attgaaggcc acgгtacgгg taccaaagcг ggtgatgccc cagaatttgc тgгcttgacc

```

10

ES 2 400 276 T3

1200 aaacactttg gcgcccag tgatgaaaag caatatatcg ccttaggctc agttaaactcg
 caaattgggc atactaaatc tgcggctggc tctgcgggta tgattaaggc ggcattagcg
 1260 ctgcatcata aaatcctacc tgcaacgatc catatcgata aaccaagtga agccttggat
 1320 atcaaaaaca gcccgttata cctaaacagc gaaacgcgctc cttggatgcc acgtgaagat
 1380 ggtattccac gtcgtgcagg tatcagctca tttggttttg gcggcaccaa cttccatatt
 1440 attttagaag agtatcgccc aggtcacgat agcgcatac gcttaaactc agtgagccaa
 1500 actgtgttga tctcggcaaa cgaccaacaa ggtattgttg ctgagttaa taactggcgt
 1560 actaaactgg ctgtcgatgc tgatcatcaa gggtttgtat ttaatgagtt agtgacaacg
 1620 tggccattaa aaacccatc cgtaaccaa gctcgtttag gttttgttgc gcgtaatgca
 1680 aatgaagcga tcgcatgat tgatacggca ttgaaacaat tcaatgcgaa cgcagataaa
 1740 atgacatggt cagtacctac cggggtttac tatcgtcaag ccggtattga tgcaacaggt
 1800 aaagtggttg cgctattctc agggcaaggt tcgcaatac tgaacatggg tcgtgaatta
 1860 acctgtaact tccaagcat gatgcacagt gctgcggcga tggataaaga gttcagtgcc
 1920 gctggtttag gccagttatc tgcagttact tccctatcc ctgtttatac ggatgccgag
 1980 cgtaagctac aagaagagca attacgttta acgcaacatg cgcaaccagc gattggtagt
 2040 ttgagtgttg gtctgttcaa aacgtttaag caagcaggtt ttaaagctga ttttgcctgc
 2100 ggtcatagtt tcggtgagtt aaccgcatta tgggctgccg atgtattgag cgaaagcgt
 2160 tacatgatgt tagcgcgtag tcgtggtcaa gcaatggctg cgccagagca acaagatttt
 2220 gatgcaggta agatggccgc tgttgttggg gatccaaagc aagtcgctgt gatcattgat
 2280 acccttgatg atgtctctat tgctaacttc aactcgaata accaagttgt tattgctggt
 2340 actacggagc aggttgctgt agcggttaca accttaggta atgctggttt caaagttgtg
 2400 ccaactgccg tatctgctgc gttccataca ctttagttc gtcacgcgca aaaaccattt
 2460 gctaaagcgg ttgatagcgc taaatttaaa gcgccaagca ttccagtgtt tgctaattggc
 2520 acaggcttgg tgcattcaag caaacgcaat gacattaaga aaaacctgaa aaaccacatg
 2580 ctggaatctg ttcatttcaa tcaagaaatt gacaacatct atgctgatgg tggccgcgta
 2640 tttatcgaat ttggtccaaa gaatgtatta actaaattgg ttgaaaacat tctcactgaa
 2700 aaatctgatg tgactgctat cgcggttaat gctaataccta aacaacctgc ggacgtacaa
 2760 atgcgccaag ctgcgctgca aatggcagtg cttggtgtcg cattagacaa tattgacctg
 2820 tacgacgcg ttaagcgtcc acttgttgcg ccgaaagcat caccaatggt gatgaagtta
 2880 tctgcagcgt cttatgttag tccgaaaacg aagaaagcgt ttgctgatgc attgactgat
 2940

ES 2 400 276 T3

3000 ggctggactg ttaagcaagc gaaagctgta cctgctggtg tgtcacaacc acaagtgatt
 3060 gaaaagatcg ttgaagttga aaagatagtt gaacgcattg tcgaagtaga gcgtattgtc
 3120 gaagtagaaa aaatcgtcta cgtaaatgct gacggttcgc ttatatcgca aaataatcaa
 3180 gacgттааса gсgctgттgt tagcaacgtg actaatagct cagtгactca tagcagtgat
 3240 gctgaccttg ttgсctctat tgaacgcagt gttggtcaat ttgттgcaca ccaacagcaa
 3300 ttattaaatg tacatgaaca gtttatgcaa ggtccacaag actacgсgaа aacagtгсag
 3360 aacгtacttg ctgсgсgagac gagcaatgaa ttaccgгaaa gттtagaccg tacattgtct
 3420 atgtataacg agттсcaatc agaaacгcta cgtgtacatg aaacгtacct gaacaatcag
 3480 acgagcaaca tgaacaccat gcttactggt gctgaagctg atgtгctagc aacccccata
 3540 actcaggtag tgaatacagc cgttgccact agtcacaagg tagттgctcc agттattgct
 3600 aatacagtga cgaatгттgt atctagtgtc agtaataacg cggcггттgс agtgcaaaact
 3660 gtggcattag cгcctacгca agaaatcгct ccaacagtcг ctactacгcc agcaccгca
 3720 ttgгттgcta tcgтgгctga acctgtgatt gттgсgcatg ttgctacaga agттgсacca
 3780 attacaccat cagттacacc agттgtгсca actcaagcгg ctatcгatgt agcaactatt
 3840 aacaaagtaa tgттagaagt tgттgctgat aaaaccггтт atccaacгga tatgctгgaa
 3900 ctgagcatgg acatгgaagc tgacttaggt atcгactcaa tcaaacгtgt tgagatatta
 3960 ggcгcagtac aggaattgat cctгactta cctgaactta atcctgaaga tcttgctgag
 4020 ctacгcagcгc ttgгtgagat tgtcgattac atgaattcaa aagcccaggc tgtagctcct
 4080 acaacagtac ctgтаасаag tгcacctgтт tcгcctгcat ctгctггtat tgatttagcc
 4140 cacatccaaa acгтаатгтт agaagtггтт гсagacaaaa ccггттaccс aacagacatg
 4200 ctagaactga гсатггatat ggaagctгac ttaggtattg attcaatcaa гсgтгtgгaa
 4260 atcttaggtg cagtacagga gatcataact gatttacctg agctaaaccс tgaagatctt
 4320 gctgaattac гсaccctagg tгaaatcгтт agттacatгc aaagcaaagc gccagtcгct
 4380 gaaagtгсгc cagtггсgac гgctcctgта гсаасаagct cagcaccгtc tatcгatttg
 4440 aaccacattc aaacagtgat gatгgatgта gттгсagata agactггтта tccaactгac
 4500 atgctagaac ttггсатгга catгgaagct gatttaggта tcгattcaat caaacгtgтg
 4560 gaaatattag гсгсagtgca гgagatcатc actgatttac ctгagctaaa ccгagaagac
 4620 ctгctgтаat tacгсacгct aggtгaaatc gттagттaca tgcaaagcaa агсгсcagtc
 4680 gctгagagtg cгccagtagc гacггctттct гtagcaaaa гctctгсacc gtctatcгat
 4740 ttaaaccata tccaaacagt gatгatгgaa гtgгттгсag acaaaaccгg ttatccagта

ES 2 400 276 T3

4800 gacatgtag aacttgctat ggacatggaa gctgacctag gtatcgatc aatcaagcgt
 gtagaaatth taggtgcggt acaggaaatc attactgact tacctgagct taacctgaa
 4860 gatcttgctg aactacgtac attaggtgaa atcgttagtt acatgcaaag caaagcggcc
 4920 gtagctgaag egcctgcagt acctggtgca gtagaaagtg cacctactag tgtaacaagc
 4980 tcagcaccgt ctatcgattt agaccacatc caaaatgtaa tgatggatgt tgttgctgat
 5040 aagactgggt atcctgcca tatgcttgaa ttagcaatgg acatggaagc cgaccttgggt
 5100 attgattcaa tcaagcgtgt tgaatttcta ggcgcggtac aggagatcat tactgattta
 5160 cctgaactaa acccagaaga cttagctgaa ctacgtacgt tagaagaaat tgtaacctac
 5220 atgcaaagca aggcgagtggt tgttactgta aatgtagtgg ctagccctga aaataatgct
 5280 gtatcagatg catttatgca aagcaatgtg gcgactatca cagccgcggc agaacataag
 5340 gcggaattta aaccggcgcc gagcgcaacc gttgctatct ctcgctetaag ctctatcagt
 5400 aaaataagcc aagattgtaa aggtgctaac gccttaatcg tagctgatgg cactgataat
 5460 gctgtgttac ttgcagacca cctattgcaa actggctgga atgtaactgc attgcaacca
 5520 acttgggtag ctgtaacaac gacgaaagca ttttaataagt cagtgaacct ggtgacttta
 5580 aatggcggtg atgaaactga aatcaacaac attattactg ctaacgcaca attggatgca
 5640 gttatctatc tgcacgcaag tagcgaatc aatgctatcg aatacccaca agcatctaag
 5700 caaggcctga tgtagcctt cttattagcg aaattgagta aagtaactca agccgctaaa
 5760 gtgcgtggcg cctttatgat tgttactcag cagggtggtt cattaggttt tgatgatatc
 5820 gattctgcta caagtcatga tgtgaaaaca gacctagta aaagcggctt aaacggttta
 5880 gttaagacac tgtctcacga gtgggataac gtattctgtc gtgcggttga tattgcttcg
 5940 tcattaacgg ctgaacaagt tgcaagcctt gttagtgatg aactacttga tgctaact
 6000 gtattaacag aagtgggtta tcaacaagct ggtaaaggcc ttgaacgat cacgttaact
 6060 ggtgtggcta ctgacagcta tgcattaaca gctggcaata acatcgatgc taactcggta
 6120 tttttagtga gtgggtggcg aaaaggtgta actgcacatt gtgttgctcg tatagctaaa
 6180 gaatatcagt ctaagttcat cttattggga cgttcaacgt tctcaagtga cgaaccgagc
 6240 tgggcaagtg gtattactga tgaagcggcg ttaaagaaag cagcgatgca gtccttgatt
 6300 acagcaggtg ataaaccaac acccgttaag atcgtaacgc taatcaaacc aatccaagct
 6360 aatcgtgaaa ttgcgcaaac cttgtctgca attaccgctg ctggtggcca agctgaatat
 6420 gtttctgcag atgtaactaa tgcagcaagc gtacaaatgg cagtcgctcc agctatcgtc
 6480 aagttcggtg caatcactgg catcattcat ggcgcgggtg tgtagctga ccaattcatt
 6540

ES 2 400 276 T3

6600 gagcaaaaa cactgagtga ttttgagtct gtttacagca ctaaaattga cggtttgta
 6660 tcgctactat cagtcactga agcaagcaac atcaagcaat tggatttgtt ctgcgcagcg
 6720 gctggtttct acggtaacc cggccagtct gattactoga ttgccaatga gatcttaaat
 6780 aaaaccgcat accgcttta atcattgcac ccacaagctc aagtattgag ctttaactgg
 6840 ggtccttggg acggtggcat ggtaacgcct gagcttaaac gtatgtttga ccaacgtgg
 6900 gtttacatta ttccacttga tgcaggtgca cagttattgc tgaatgaact agccgcta
 6960 gataaccggt gtccacaaat cctcgtgggt aatgacttat ctaaagatgc tagctctgat
 7020 caaaagtctg atgaaaagag tactgctgta aaaaagccac aagttagtgc tttatcagat
 7080 gcttttagtaa ctaaaagtat caaagcgact aacagtagct ctttatcaaa caagactagt
 7140 gctttatcag acagtagtgc ttttcagggt aacgaaaacc actttttagc tgaccacatg
 7200 atcaaaggca atcaggtatt accaacggta tgcgcgattg cttggatgag tgatgcagca
 7260 aaagcgactt atagtaaccg agactgtgca ttgaagtatg tcggtttcga agactataaa
 7320 ttgtttaaag gtgtggtttt tgatggcaat gaggcggcgg attaccaat ccaattgtcg
 7380 cctgtgacaa gggcgtcaga acaggattct gaagtccgta ttgccgcaa gatctttagc
 7440 ctgaaaagtg acggtaaacc tgtgtttcat tatgcagcga caatattgtt agcaactcag
 7500 ccaactaatg ctgtgaaggt agaacttccg acattgacag aaagtgttga tagcaacaat
 7560 aaagtaactg atgaagcaca agcgttatac agcaatggca ccttgttcca cggtgaaagt
 7620 ctgcagggca ttaagcagat attaagttgt gacgacaagg gcttctatt ggcttgtcag
 7680 ataaccgatg ttgcaacagc taagcagggg tcttcccgt tagctgacaa caatatctt
 7740 gccaatgatt tggtttatca ggctatgttg gtctgggtgc gcaacaatt tggtttaggt
 7800 agcttacctt cggtgacaac ggcttgact gtgtatcgtg aagtggttgt agatgaagta
 7860 ttttatctgc aacttaatgt tgttgagcat gatctattgg gttcacgcg cagtaaagcc
 7920 cgttgtgata ttcaattgat tgctgctgat atgcaattac ttgccgaagt gaaatcagcg
 7959 caagtcagtg tcagtgacat tttgaacgat atgtcatga

<210> SEC ID NO 21
 <211> LONGITUD: 883
 5 <212> TIPO: PRT
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 21

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

10

ES 2 400 276 T3

Gly Asn Val Ser Arg Val Ser Thr Glu Ser Asn Val Ile Ser Asn Gly
 35 40 45
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 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

ES 2 400 276 T3

Ile Gly Ala Thr Tyr Val Gly Leu Gly Arg Asp Leu Phe His Leu Phe
 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
 545 550 555 560
 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
 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
 625 630 635 640
 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
 675 680 685
 Tyr Cys Thr Ile Ile Asn Thr Pro Asp Ser Leu Leu Ala Gly Tyr
 690 695 700
 Pro Glu Ala Cys Gln Arg Val Ile Lys Asn Leu Gly Val Arg Ala Met
 705 710 715 720
 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
 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
 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
 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> SEC ID NO 22
 <211> LONGITUD: 2652
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 22

60 atgacggaat tagctgttat tggtatggat gctaaattta gcggacaaga caatatggac
 120 cgtgtggaac gcgctttcta tgaagtgct tatgtaggta atgtagccg cgtagtacc

ES 2 400 276 T3

180 gaatctaatg ttattagcaa tggcgaagaa caagttatta ctgccatgac agttcttaac
 240 tctgtcagtc tactagcgca aacgaatcag ttaaataatag ctgatatcgc ggtggtgctg
 300 attgctgatg taaaaagtgc tgatgatcag cttgtagtcc aaattgcac agcaattgaa
 360 aacagtggtg cgagttgtgt tgttattgct gatttaggcc aagcattaaa tcaagtagct
 420 gatttagtta ataaccaaga ctgtcctgtg gctgtaattg gcatgaataa ctcggttaat
 480 ttatctcgtc atgatcttga atctgtaact gcaacaatca gctttgatga aaccttcaat
 540 gggtataaca atgtagctgg gttcgcgagt ttacttatcg cttcaactgc gtttgccaat
 600 gctaagcaat gttatatata cgccaacatt aagggtctcg ctcaatcggg cgtaaatgct
 660 caatttaacg ttgaaacat tagcgatact gcaaagaccg cattgcagca agctagcata
 720 actgcagagc aggttggttt gttagaagtg tcagcagtcg ctgattcggc aatcgcattg
 780 tctgaaagcc aaggtttaat gtctgcttat catcatcgc aaactttgca tactgcatta
 840 agcagtgccc gtagtgtgac tgggtgaaggc ggggtgttttt cacaggtcgc aggtttattg
 900 aatgtgtaa ttggtttaca tcaacgttat attccggcga ttaaagattg gcaacaaccg
 960 agtgacaatc aatgtcaag gtggcggaat tcaccattct atatgcctgt agatgctcga
 1020 ccttggttcc cacatgctga tggctctgca cacattgccg cttatagttg tgtgactgct
 1080 gacagctatt gtcatttct tttacaagaa aacgtcttac aagaacttgt tttgaaagaa
 1140 acagtcttgc aagataatga cttactgaa agcaagcttc agactcttga acaaaacaat
 1200 ccagtagctg atctgcgcac taatggttac tttgcatcga gcgagttagc attaatacata
 1260 gtacaaggta atgacgaagc acaattacgc tgtgaattag aaactattac agggcagtta
 1320 agtactactg gcataagtac tatcagtatt aaacagatcg cagcagactg ttatgcccg
 1380 aatgatacta acaaagccta tagcgcagtg cttattgccg agactgctga agagttaagc
 1440 aaagaaataa ccttggcgtt tgctggtatc gctagcgtgt ttaatgaaga tgctaaagaa
 1500 tggaaaaccc cgaagggcag ttattttacc gcgcagcctg caaataaaca ggctgctaac
 1560 agcacacaga atggtgtcac cttcatgtac ccaggtattg gtgctacata tgttggttta
 1620 gggcgtgatc tatttcatct attcccacag atttatcagc ctgtagcggc tttagccgat
 1680 gacattggcg aaagtctaaa agataacttta cttaatccac gcagtattag tcgtcatagc
 1740 tttaaagaac tcaagcagtt ggatctggac ctgcgcggta acttagccaa tatcgtgaa
 1800 gccggtgtgg gttttgcttg tgtgtttacc aaggattttg aagaagtctt tgccgttaaa
 1860 gctgactttg ctacaggta tagcatgggt gaagtaagca tgtatgcagc actaggctgc
 1920 tggcagcaac cgggattgat gagtgctcgc cttgcacaat cgaatacctt taatcatcaa

ES 2 400 276 T3

1980 ctttgcggcg agttaagaac actacgtcag cattggggca tggatgatgt agctaacggt
 2040 acgttcgagc agatctggga aacctatacc attaaggcaa cgattgaaca ggtcgaaatt
 2100 gcctctgcag atgaagatcg tgtgtattgc accattatca atacacctga tagcttgttg
 2160 ttagccggtt atccagaagc ctgtcagcga gtcattaaga attaggtgt gcgtgcaatg
 2220 gcattgaata tggcgaacgc aattcacagc gcgccagctt atgccgaata cgatcatatg
 2280 gttgagctat accatatgga tgttactcca cgtattaata ccaagatgta ttcaagctca
 2340 tgttátttac cgattccaca acgcagcaaa gcgatttccc acagtattgc taaatgtttg
 2400 tgtgatgtgg tggatttccc acgtttggtt aataccttac atgacaaagg tgcgcgggta
 2460 ttcattgaaa tgggtccagc tcgttcgta tgtagctggg tagataagat cttagttaat
 2520 ggcgatggcg ataataaaaa gcaaagccaa catgtatctg ttctgtgaa tgccaaaggc
 2580 accagtgatg aacttactta tattcgtgcg attgctaagt taattagtca tggcgtgaat
 2640 ttgaatttag atagcttgtt taacgggtca atcctggta aagcaggcca tatagcaaac
 2652 acgaacaaat ag

<210> SEC ID NO 23
 <211> LONGITUD: 2011
 <212> TIPO: PRT
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

5

<400> SECUENCIA: 23

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
		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
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
		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
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		

10

ES 2 400 276 T3

Tyr Leu His Thr Gly Lys Ala Asn Met Met Leu Ala Gly Ala Val Ser
 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
 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
 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
 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
 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
 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
 465 470 475 480
 Ala Ser Asn Leu Ala Gln Phe Lys Thr Leu Leu 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
 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 Gln Val
 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
 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
 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
 Val Glu Leu Ala Glu Asn Leu Phe Gln Thr Ser Asp Val Glu Ala Val
 675 680 685

ES 2 400 276 T3

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
705 710 715 720
Gly Pro Val Asn Glu Ser Ser Ser Val Thr Asn Asn Ile Leu Asp Gln
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
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
785 790 795 800
Glu Ala His Ala Ser Gly Phe Ser Ala Glu Asn Asn Ala Glu Lys Thr
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
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
865 870 875 880
Ile Leu Ser Ser Ser Ala Gln Ala His Gln Val Ala Pro Ala Pro Val
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
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
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
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
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
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
1130 1135 1140
Gln Leu Ile Glu Arg Tyr Asn Lys Pro Glu Asn Val Ile Tyr Asp
1145 1150 1155

ES 2 400 276 T3

Gln	Ala	Asp	Leu	Val	Glu	Phe	Ala	Glu	Gly	Asp	Ile	Gly	Lys	Val
1160						1165					1170			
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
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			
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
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			
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
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			
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
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			
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
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			
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			

ES 2 400 276 T3

Lys	Ser	Lys	Gly	Val	Thr	Pro	Ile	Lys	His	Phe	Glu	Ala	Pro	Ala
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			
Gly	Pro	Asp	Phe	Asp	Val	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
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			
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
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			
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
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			
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
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			
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> SEC ID NO 24
 <211> LONGITUD: 6036
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 24

ES 2 400 276 T3

60 atggaataa ttgcagtagt aggtattgct aatttgttcc cgggctcaca agcaccggat
 120 caatittggc agcaattgct tgaacaacaa gattgccgca gtaaggcgac cgctgttcaa
 180 atgggcggtg atcctgctaa atataccgcc aacaaagggtg acacagataa attttactgt
 240 gtgcaocggcg gttacatcag tgatttcaat tttgatgctt caggttatca actcogataat
 300 gattatttag cgggtttaga tgaccttaat caatgggggc tttatgttac gaaacaagcc
 360 cttaccgatg cgggttattg gggcagtact gcactagaaa actgtgggtg gatttttaggt
 420 aatttgtcat tcccaactaa atcatcctaat cagctgttta tgcttttga tcatcaagtt
 480 gttgataatg ccttaaaggc ggtattacat cctgattttc aattaacgca ttacacggca
 540 ccgaaaaaaaa cacatgctga caatgcatta gtagcaggtt atccagctgc attgatcgcg
 600 caagcggcgg gtcttgggtg ttcacatttt gcactggatg cggcttgtgc ttcactttgt
 660 tatagcggtt agttagcgtg tgattacctg catacgggta aagccaacat gatgcttgct
 720 ggtgcgggtat ctgcagcaga tcctatgttc gtaaataatg gtttctcgat attccaagct
 780 taccagccta acaatgtaca tgccccgttt gaccaaaatt cacaaggtct atttgccggt
 840 gaagcgcggg gcatgatggt attgaaacgt caaagtgatg cagtacgtga tggatgatcat
 900 atttacgcca ttattaaagg cggcgcatta tcgaatgacg gtaaaggcga gtttgtatta
 960 agcccgaaca ccaagggcca agtattagta tatgaacgtg cttatgccga tgcagatggt
 1020 gacccgagta cagttgacta tattgaatgt catgcaacgg gcacacctaa gggtgacaat
 1080 gttgaattgc gttcgatgga aaccttttc agtcgcgtaa ataacaaacc attactgggc
 1140 tcggttaaata ctaaccttgg tcatttgta actgccgctg gtatgcctgg catgacccaa
 1200 gctatgtagg cgctaggtaa aggtcttatt cctgcaacga ttaacttaa gcaaccactg
 1260 caatctaaaa acggttactt tactggcgag caaatgcaa cgacgactgt gtcttgcca
 1320 acaactccgg gtgccaaggc agataaacgg cgtaccgag gtgtgagcgt atttggtttt
 1380 ggtggcagca acgcccattt ggtattacaa cagccaacgc aaacactcga gactaatttt
 1440 agtgttgcta aaccacgtga gccttggct attattggtg tggacagcca ttttggtagt
 1500 gccagtaatt tagcgcagtt caaaacctta ttaaataata atcaaaatac cttccgtgaa
 1560 ttaccagaac aacgctggaa aggcattgaa agtaacgcta acgcatgca gtcgttacia
 1620 ttacgcaaag cgcctaaagg cagttacgtt gaacagctag atattgattt cttgcgtttt
 1680 aaagtaccgc ctaatgaaaa agattgcttg atcccccaac agttaatgat gatgcaagtg
 1740 gcagacaatg ctgcgaaaga cggaggctca gttgaaggtc gtaatgttgc ggtattagta

ES 2 400 276 T3

1800 gcgatgggca tggaactgga attacatcag tategtggtc gcgtaatct aaccacccaa
 attgaagaca gcttattaca gcaaggtatt aacctgactg ttgagcaacg tgaagaactg
 1860 accaatattg ctaaagacgg tgttgectcg gctgcacagc taaatcagta tacgagtttc
 1920 attggttaata ttatggcgtc acgtatttctg gcgttatggg atttttctgg tctgctatt
 1980 accgtatcgg ctgaagaaaa ctctgtttat cgttggtggtg aattagctga aaatctattt
 2040 caaaccagtg atggtgaagc cgttattatt gctgctggtg atttgtctgg ttcaattgaa
 2100 aacattactt tacgtcagca ctacggtcca gttaatgaaa agggatctgt aagtgaatgt
 2160 ggtccgggta atgaaagcag ttcagtaacc aacaatattc ttgatcagca acaatggctg
 2220 gtgggtgaag ggcagcggc tattgtcggt aaaccgctcat cgcaagtcac tgctgaccaa
 2280 gtttatgcgc gtattgatgc ggtgagttt gccctggta gcaatgcgaa agcaattacg
 2340 attgcagcgg ataaagcatt aacacttgct ggtatcagtg ctgctgatgt agctagtgtt
 2400 gaagcacatg caagtgggtt tagtgccgaa aataatgctg aaaaaaccgc gttaccgact
 2460 ttatacccaa gcgcaagtat cagttcgggtg aaagccaata ttggtcatac gtttaatgcc
 2520 tcgggtatgg cgagtattat taaaacggcg ctgctggttag atcagaatac gagtcaagat
 2580 cagaaaagca aacatattgc tattaacggt ctaggctcgtg ataacagctg cgcgcatctt
 2640 atcttatcga gttcagcgc agcgcaccaa gttgcaccag cgcctgtatc tggtatggcc
 2700 aagcaacgcc cacagttagt taaaaccatc aaactcgggtg gtcagttaat tagcaacgcg
 2760 attgtaaaca gtgcgagttc atctttacac gctattaaag cgcagtttgc cggtaaagc
 2820 ttaaacaaag ttaaccagcc agtgatgatg gataacctga agccccagg tattagcgt
 2880 catgcaacca atgagtatgt ggtgactgga gctgctaaca ctcaagcttc taacattcaa
 2940 gcatctcatg ttcaagcgtc aagtcatgca caagagatag caccaacca agttcaaaat
 3000 atgcaagcta cagcagccgc tgtaagttca cccctttctc aacatcaaca cacagcgcg
 3060 cccgtagcgg caccgagcgt tgttgagtg actgtgaaac ataaagcaag taaccaaat
 3120 catcagcaag cgtctacgca taaagcattt ttagaaagtc gtttagctgc acagaaaaac
 3180 ctatcgaac ttgttgaatt gcaaaccaag ctgtcaatcc aaactggtag tgacaataca
 3240 tctaacaata ctgcgtcaac aagcaataca gtgctaaca atcctgtatc agcaacgcca
 3300 ttaacacttg tgtctaagc gcctgtagta gcgacaaacc taaccagtac agaagcaaaa
 3360 gcgcaagcag ctgctacaca agctggtttt cagataaaag gacctggtg ttacaactat
 3420 ccaccgctgc agttaattga acgttataat aaaccagaaa acgtgattta cgatcaagct
 3480 gatttggtg aattcgtgta aggtgatatt ggtaaggat ttgggtgctga atacaatatt
 3540

ES 2 400 276 T3

3600 attgatggct attcgcgctc tgtacgtctg ccaacctcag attacttggt agtaacacgt
 3660 gttactgaac ttgatgccaa ggtgcatgaa tacaagaaat catacatgtg tactgaatat
 3720 gatgtgcctg ttgatgcacc gttcttaatt gatggtcaga tcccttggtc tgttgccgtc
 3780 gaatcaggcc agtgtgattt gatggtgatt tcatatatcg gtattgattt ccaagcgaaa
 3840 ggcgaacgtg tttaccgttt acttgattgt gaattaactt tccttgaaga gatggctttt
 3900 ggtggcgata ctttacgtta cgagatccac attgattcgt atgcacgtaa cggcgagcaa
 3960 ttattattct tcttcatta cgattgttac gtaggggata agaaggtaact tatcatgctg
 4020 aatggttggt ctggtttctt tactgacgaa gaactttctg atggtaaagg cgttattcat
 4080 aacgacaaaag acaaagctga gtttagcaat gctgttaaat catcattcac gccggtatta
 4140 caacataacc gtggtcaata cgattataac gacatgatga agttggttaa tggatgatgt
 4200 gccagtgtt ttggtccgca atatgatcaa ggtggccgta atccatcatt gaaattctcg
 4260 tctgagaagt tcttgatgat tgaacgtatt accaagatag acccaaccgg tggtcattgg
 4320 ggactaggcc tgttagaagg tcagaaagat ttagaccctg agcattggta tttcccttgt
 4380 cactttaaag gtgatcaagt aatggctggt tegtgtatgt cggaggttg tggccaaatg
 4440 gcgatgttct tcatgctgct tcttggtatg cataccaatg tgaacaacgc tegtttccaa
 4500 cactaccag gtgaatcaca aacggtacgt tgcgtgggc aagtactgcc acagcgcaat
 4560 accttaactt accgtatgga agttactgct atgggtatgc atccacagcc attcatgaaa
 4620 gctaataattg atattttgct tgacggtaaa gtggttgttg atttcaaaaa ctgagcgtg
 4680 atgatcagcg aacaagatga gcattcagat taccctgtaa cactgccgag taatgtggcg
 4740 cttaaagcga ttactgcacc tgttgcgtca gtagcaccag catcttcacc cgctaacagc
 4800 gcggatctag acgaacgtgg tgttgaaccg ttaagtctc ctgaacgtcc gttaatgcgt
 4860 gttgagtcag acttgtctgc accgaaaagc aaaggtgtga caccgattaa gcattttgaa
 4920 gcgcctgctg ttgctggcca tcatagagtg cctaaccaag caccgtttac accttggcat
 4980 atgtttgagt ttgacgaggg taatatttct aactgtttcg gtctgattt tgatgtttat
 5040 gaaggtcgta ttccacctcg tacaccttgt ggcgatttac aagttgttac tcaggttgta
 5100 gaagtgcagg gcgaacgtct tgatcttaaa aatccatcaa gctgtgtagc tgaatactat
 5160 gtaccggaag acgcttggta cttactaaa aacagccatg aaaactggat gccttattca
 5220 ttaatcatgg aaattgcatt gcaaccaaat ggctttattt ctggttacat gggcacgagc
 5280 cttaaatacc ctgaaaaaga tctgttcttc cgtaaccttg atggtagcgg cacgttatta
 5340 aagcagattg atttacgagg caagaccatt gtgaataaat cagtcttggg tagtacggct

ES 2 400 276 T3

attgctggtg gcgcgattat tcaaagtttc acgtttgata tgtctgtaga tggcgagcta
5400
ttttatactg gtaaagctgt atttggttac tttagtgggtg aatcaactgac taaccaactg
5460
ggcattgata acggtaaaac gactaatgcg tggtttggtg ataacaatac ccccgacgcg
5520
aatattgatg tgtttgattt aactaatcag tcattggctc tgtataaagc gcctgtggat
5580
aaaccgcatt ataaattggc tgggtggcag atgaacttta tcgatacagt gtcagtgggt
5640
gaaggcgggtg gtaaagcggg cgtggcttat gtttatggcg aacgtacgat tgatgctgat
5700
gattggttct tccgttatca cttccaccaa gatccgggtga tgccaggttc attaggtggt
5760
gaagctatta ttgagttgat gcagacctat gcgcttaaaa atgatttggg tggcaagttt
5820
gctaaccacac gtttcattgc gccgatgacg caagttgatt ggaaataccg tgggcaaatt
5880
acgccgctga ataaacagat gtcactggac gtgcatatca ctgagatcgt gaatgacgct
5940
ggatgaagtgc gaatcgttgg tgatgcgaat ctgtctaaag atggtctgcg tatttatgaa
6000
gttaaaaaca tcgttttaag tattggtgaa gcgtaa
6036

<210> SEC ID NO 25
<211> LONGITUD: 538
5 <212> TIPO: PRT
<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 25

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
			20					25					30		
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				
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
			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				
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
			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			

10

ES 2 400 276 T3

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
			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
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
		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
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
		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
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
		515					520					525			
Thr	Glu	Leu	Ala	Ser	Tyr	Arg	Thr	Ser	Asp						
		530					535								

<210> SEC ID NO 26

<211> LONGITUD: 1617

5 <212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 26

60 atgtcgcagtt taggttttaa caataacaac gcaattaact gggcttgga agtagatcca
 120 gcgtcagttc atacacaaga tgcagaaatt aaagcagctt taatggatct aactaacct
 180 ctctatgtgg cgaataattc aggcgtaact ggtatagcta atcatacgtc agtagcaggt
 240 gcgatcagca ataacatcga tgttgatgta ttggcgtttg cgaaaagtt aaaccagaa
 300 gatctgggtg atgatgctta caagaaacag cacggcggtta aatatgctta tcatggcggg
 360 gcgatggcaa atggtattgc ctcggttgaa ttggttggtg cgtaggtaa agcagggctg

10

ES 2 400 276 T3

420 ttatgttcat ttggtgctgc aggtctagtg cctgatgcgg ttgaagatgc aattcgtcgt
480 attcaagctg aattaccaa tggcccttat gcggttaact tgatccatgc accagcagaa
540 gaagcattag agcgtggcgc ggttgaacgt ttcttaaaac ttggcgtcaa gacggtagag
600 gcttcagctt accttggtt aactgaacac attgtttggt atcgtgctgc tggcttaact
660 aaaaacgcag atggcagtgt taatatcggg aacaaggta tcgctaaagt atcgcgtacc
720 gaagttggtc gccgctttat ggaacctgca ccgcaaaaat tactggataa gttattagaa
780 caaaataaga tcaccctga acaagctgct ttagcgttgc ttgtacctat ggctgatgat
840 attactgggg aagcggattc tgggtggtcat acagataacc gtccgttttt aacattatta
900 ccgacgatta ttggtctgcg tgatgaagtg caagcgaagt ataacttctc tcttgcatta
960 cgtgttgggtg ctggtggtgg taccggaacg cctgaagcag cactcgtctgc atttaacatg
1020 ggcgcggctt atatcgttct gggttctgtg aatcaggcgt gtgttgaagc ggtgcatct
1080 gaatatactc gtaaaactgtt atcgacagtt gaaatggctg atgtgactat ggcacctgct
1140 gcagatatgt ttgaaatggg tgtgaagctg caagtattaa aacgcggttc tatgttcgcg
1200 atgcgtgcga agaaactgta tgacttgtat gtggcttatg actcgattga agatatccca
1260 gctgctgaac gtgagaagat tgaaaaaca atcttccgtg caaacctaga cgagatttgg
1320 gatggcaacta tcgctttctt tactgaacgc gatccagaaa tgctagcccc tgcaacgagt
1380 agtcctaaac gtaaaatggc acttatcttc cgttggatc ttggccttc ttcacgctgg
1440 tcaaacacag gcgagaaggg acgtgaaatg gattatcaga tttgggcagg cccaagttta
1500 ggtgcattca acagctgggt gaaagttct taccttgaag actatacccg ccgtggcgtc
1560 gtagatggtg ctttgcata gcttaaagg gctgcgtatt tacaacgtgt aaaccagttg
1617 aaattgcaag gtgttagctt aagtacagaa ttggcaagtt atcgtacgag tgattaa

<210> SEC ID NO 27

<211> LONGITUD: 35

5 <212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: Artificial

<220> CARACTERÍSTICA:

<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

10

<400> SECUENCIA: 27

ttcgagctcg catatggtac agcttaaaac ctatg

35

15 <210> SEC ID NO 28

<211> LONGITUD: 7959

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

20 <400> SECUENCIA: 28

ES 2 400 276 T3

60 atggctaaga agaacactac tagtattaag cacgctaagg atgtccttc aagtgatgac
 120 caacaactca acagcagatt gcaagagtgc cctattgcta ttatcggat ggctagtgtg
 180 ttcgctgatg ctaagaacct agatcaattc tgggataaca ttgttgattc agtggatgct
 240 attatcgacg ttccttcaga taggtggaat atcgacgac actactctgc cgacaagaag
 300 gccgctgata agacatactg caaacgtggt ggattcattc cagaattgga ttcgaccca
 360 atggaatttg gacttcacc taacattctg gagcttactg atattgctca actactgtcc
 420 ctcattgttg ctagggatgt tctctccgat gccggaatag gttctgatta cgatcacgac
 480 aagattggaa ttacccttgg agttggcggg ggtcagaagc aaatttcacc cttgacttct
 540 aggctgcaag gaccggtgct tgagaagtg ttgaaggcat ctggaattga tgaggatgat
 600 agagcaatga taatcgacaa attcaagaag gcttacatag ggtgggagga gaatagtctc
 660 cctgggatgc taggaaacgt gattgccggt agaattgcc aataggctca ttcggcggga
 720 actaactgcg tcgttgatgc tgcgtgctt ggtagtcttg ctgctgtaa gatggcaatt
 780 tcagatttgc tggagtatcg ttcagaagta atgatctccg gtggagtttg ttgcgataat
 840 agtcccttca tgtacatgag tttctcgaag actcccgcat tcacaactaa cgacgatatt
 900 aggccattcg atgatgacag caaaggaatg ctcggggag aagggattgg aatgatggct
 960 ttcaaacgac tggaggatgc tgaaaggat ggtgataaga tatactccgt gctgaaagga
 1020 attggtacta gctcagatgg cagattcaag tctatatatg cacctaggcc agatggccaa
 1080 gctaaggctc ttaagagggc atacgaagac gccggattcg ctctgagac ctgcgggta
 1140 atagagggcc acggaactgg cacgaaggct ggagacgctg ctgaatttgc tggcctaaca
 1200 aagcactttg ggcgagcgtc cgatgagaag cagtacatcg cactcgggtc agtcaagtcc
 1260 caaattggcc atacaaagtc tgccgctggg tcagctggaa tgattaaggc tgcactcggc
 1320 cttcatcaca agatcctccc ggcgaccata cacattgata agccttctga ggcgctcgat
 1380 attaagaaca gtccttata cctgaatagt gaaactagac cgtggatgcc aagggaagac
 1440 gggattccga gacgtgctgg gattagctct ttcggatttg gcgggacaaa ctttcacata
 1500 atcctcgaag agtaccgtcc tgggcatgat tctgcctacc gtcttaatag tgtttctcag
 1560 actgttotta tttctgctaa cgatcagcaa ggaattgttg ccgagcttaa caattggaga
 1620 actaaactcg ctgttgatgc tgaccaccaa ggattcgtat tcaacgaact tgttaccaca
 1680 tggcctctga agactccttc agtcaatcag gcccgcttag gtttcggttc tagaaacgcc

ES 2 400 276 T3

1740 aacgaggcga ttgctatgat agacactgcg cttaagcagt ttaacgctaa cgctgataag
 atgacctgga gtgtgccaac aggagtctac tatcgtcagg ccggaattga cgcaactggg
 1800 aagggtggtg ctctgttcag tggcaaggg tcacagtatg tcaacatggg tcgtgaactg
 1860 acctgtaact tccatctat gatgcaactca gcagccgcaa tggataagga gtttagtgct
 1920 gccggactgg gtcaactttc tgctgtcacg tttcctatcc cagtatatac cgacgctgag
 1980 agaaagctac aagaagagca gctcagactc acccaacatg cacaacctgc cattggatct
 2040 ctgtctgtcg gtttgtttaa gacctttaa caggctggtt tcaaagccga tttcgccgct
 2100 ggtcattcct ttggcgagct taccgcccta tgggctgctg atgttctttc tgagtctgat
 2160 tacatgatgt tggctagatc cagaggtoaa gcaatggcag cacctgagca acaggacttt
 2220 gatgccggga agatggctgc ggtggttggg gacccaaagc aagtggcggg tattatcgac
 2280 acattggacg atgtttccat tgcaactttt aacagtaaca atcaagtagt aatcgctggc
 2340 actaccgaac aagtggcagt tgctgtcacc actttgggaa acgctgggtt taaagttgtc
 2400 cctctgccag tttcagccgc attccacact ccaactggcc gccacgcaca gaaaccattc
 2460 gccaaagctg tcgattctgc taagttaaag gtcctagta tccctgtggt tgctaacggt
 2520 actggtttgg tgcacagtag caagccaaat gacatcaaga agaacctgaa gaaccacatg
 2580 ctagagtccg ttcactttaa ccaggagatt gataacatct acgctgatgg agggagggtg
 2640 ttcattgaat ttggcccga gaatgtcctt acaaagctgg tggagaatat cctcactgag
 2700 aaatctgacg tgaccgccat tgctgtgaac gctaaccocaa agcaaccagc cgatgtgcaa
 2760 atgagacagg cagctctgca aatggctgtg ttgggtgtgg ctcttgataa catcgacctt
 2820 tacgatgccg tgaaacggcc cttggttget ccaaaggcaa gccctatggt gatgaagctg
 2880 agtgccgctt cttatgtcag ccctaagact aagaaggcgt tcgccgatgc tetgaccgat
 2940 ggggtgactg ttaagcaagc taaagctggt cctgctggtg taagccaacc acaagtcatt
 3000 gagaagatag ttgaggtcga gaagatcgtg gagegtatcg tggagttga acggattgtc
 3060 gaagtcgaga agattgtcta cgtgaacgca gatggtagtc taattagtca gaataaccag
 3120 gatgttaata gtgccgttgt gagtaatggt acaaatagtt cagttacaca tagttcggat
 3180 gctgacttgg tagcatctat cgagaggtca gtgggcccagt ttggtgcaca ccagcaacag
 3240 ctcttaaatg tccatgagca gtttatgcaa ggacctcagg actacgctaa gaccgttcag
 3300 aatgtactcg cagctcaaac aagtaacgag ttgccagagt cgcttgatag aactctgtct
 3360 atgtacaatg aatttcaaag cgaaactctt aggggtgatg agacatactt gaataaccag
 3420 acatcgaata tgaacactat gcttacggga gcagaagctg atgtgctcgc aacgccaatc
 3480

ES 2 400 276 T3

3540 acacaagtcg tgaacactgc tgttgctacc agtcataagg tcgtggcccc agttatcgca
 aacactgtga ctaacgttgt cagttcagtg agtaataacg ccgctgttgc ggtgcaaacc
 3600 gttgcacttg ctctactca agagatagcg ccaaccgtgg ccacaactcc ggctcctgca
 3660 ttggttgcca tagttgctga acccgtgatt gttgcccatg ttgcaaccga agtggetcct
 3720 attacacca gcgtcacacc tgtcgttgca acccaggetg ctattgatgt ggctactatt
 3780 aacaaggtea tgcttgaggt tgtggccgat aagactggct atcctactga catgcttgag
 3840 ttatctatgg acatggaggc tgatctcggg attgatagca taaaaagagt ggaaattctc
 3900 ggtgctgtac aagaactcat cctgatctg cctgagctta atccagaaga ccttgcctgag
 3960 ttgagaacct taggtgagat cgtggactac atgaactcca aagcacaagc cgttgacca
 4020 accacagttc ccgtgacttc ggcacccgtg agcccagcgt ctgccggaat cgacctcgcg
 4080 cacatccaga acgtgatgct agaggttgtg gctgataaga cagggtatcc gacagatatg
 4140 ctggaattgt ctatggatat ggaagctgat ttgggaatcg acagtattaa gcgagtggag
 4200 atattgggag cagttcagga gattatcacg gatctccctg agttgaatcc agaagacctt
 4260 gctgagttga ggacgttggg agaaatcgtt agctatatgc aatctaaggc accagttgct
 4320 gaatcagcac ccggtgccac tgcacccgtt gccacctcat ccgcaccatc tattgatttg
 4380 aatcacattc aaactgtcat gatggatggt gtggccgaca agacaggata ccctactgac
 4440 atgcttgagc ttggaatgga tatggaagca gaccttgaa tagactccat aaaacgagtt
 4500 gagatattgg gagctgtcca ggaaatcatt actgacctc ccgagttgaa cccagaggat
 4560 ctgccgaac tcagaaccct tggcgaaata gtttcttata tgcaatgaa ggctcctgct
 4620 gctgagtcg caccagttgc aacagcgtcc gtggcaacct catccgcgcc ctcgatcgat
 4680 ctcaatcaca taaaaactgt gatgatggag gtggttgctg ataagaccgg ttatcccgtg
 4740 gacatgcttg agttggcaat ggatatggag gccgacctcg gaatcgactc tattaagagg
 4800 gtggaatc tcaggaaatt ataacagact taccgcaact caaccagag
 4860 gacttggccg agttgcggac tcttggtgag atcgtttctt acatgcaatc taaggacca
 4920 gtcgccgaag ctccagcagt cccagttgcc gtagagtcgg ctccaacctc tgttaccagc
 4980 tctgctccta gtatcgactt agaccacatt cagaatgta tgatggatgt tgttgcctgat
 5040 aagaccggtt accctgcca taatgctgaa ttggctatgg atatggaggc agacttgggg
 5100 atcgactcta taaaaagagt ggagatactc ggtgctgtgc aagaaattat aactgacctt
 5160 ccagaactca accctgagga ccttgccgaa ttaecgaccc tcgaagagat cgtcacttac
 5220 atgcaatcca aagcaagtgg agttactggt aatgtcgtag catctccaga gaacaatgcc
 5280

ES 2 400 276 T3

5340 gtgtcagatg ctttcatgca atctaattgtc gccaccatca ctgccgccgc agaacacaag
 gccgagttca aacctgccc tagtgccact gttgccatct caogactatc tagcataagc
 5400 aagattagcc aagattgcaa aggtgctaac gctctgattg tggcagacgg tactgacaac
 5460 gctgtactcc ttgctgacca cttactgcaa acaggetgga atgttacggc cttcaaccc
 5520 acatgggtcg ctgtaactac cactaaagcc ttaacaaat ctgtaaacct tgttaccctc
 5580 aatggtgtgg atgagactga aattaataac attataactg caaacgcaca actcgacgct
 5640 gtcatatact tacatgcttc ctctgagatt aacgccatcg aatatccgca agcctctaaa
 5700 cagggcttta tgcttgcatc ctttctcgcc aaattatcca aagtaactca ggcagctaaa
 5760 gtgagaggtg ctttcatgat cgtgactcag caaggtggtg gcttgggctt cgatgatatt
 5820 gactcggcca cgtcgcatga tgtaagaca gatttggttc agtctggcct caatggactc
 5880 gtcaagactc taagccatga atgggataac gtattctgtc gcgcagttga cattgocctc
 5940 tegctaactg ccgagcaagt ggcttcactt gttccgacg agcttcttga tgccaacaca
 6000 gtcttgaccg aagtgggata ccaacaggct gggaaaggat tggagaggat tacactcaca
 6060 ggcgtagcaa ctgattcata cgcacttact gctgggaaca atatagatgc caatagcgtg
 6120 tttctagtgt ctggaggtgc taaaggagtg acagctcact gcgtagcccg aatcgcaaag
 6180 gagtatcagt caaagtttat ctttctcggt agatcaacct tcagctcaga tgagccctct
 6240 tgggccagcg ggattacgga tgaggccgca ttgaagaaag ccgcatgca atctttgata
 6300 accgctggag acaagcccac acctgttaag attgttcagc ttatcaagcc cattcaggcc
 6360 aatagggaaa ttgcccacac cctgagcgcg attactgctg ctggaggtca ggctgagtat
 6420 gtgagcgcag acgttaccaa tgctgcgtcc gtgcaaatgg cagtggctcc agctatcgcc
 6480 aaattcgggtg caatcacggg tattatacac ggtgcgggtg ttcttgccga tcagtttatt
 6540 gagcagaaga cactgtctga ctttgagtcc gtttattcca ccaagattga tggtttactt
 6600 tccttgctgt cagtgactga ggcactaat atcaacaac togttttgtt tagctcgcga
 6660 gcgggcttct acgggaacc tgggcagagc gattactcaa tagcaaatga gatccttaat
 6720 aagacggcct atcgctttaa atccttacat ccacaggctc aagttctcag cttcaactgg
 6780 ggtccttggg atggaggcat ggtcactccc gaattgaaac gcatgtttga ccagcgtggc
 6840 gtttatatta tccattgga tgctggcgct caattgctct tgaatgagtt agctgcaaat
 6900 gataataggt gtccacagat ccttggtggc aacgacctct caaaggacgc cagttctgac
 6960 cagaagttag acgagaaatc taccgctggt aagaagcctc aagtgagccg cttgtcagac
 7020 gcattagtga ccaaatctat caaagcaaca aatagctcct cattgtccaa caagacctca
 7080

ES 2 400 276 T3

7140 gctctctccg atagctctgc tttccaagtc aatgagaatc acttcttggc agatcacatg
 7200 attaagggga atcaagttct accaaccgtc tgcgctatcg cctggatgtc cgacgccgct
 7260 aaagctacct' attccaatag ggactgtgct ctgaaatag ttggtttoga agactataag
 7320 ttgtttaagg gtggttggtt tgatggaaat gaagcagcag attatcagat ccagctttca
 7380 ccggttaccg gcgcctcaga acaggattcc gaagttcgea tcgctgcaaa gatttttagt
 7440 cttaaactcg acggaaagcc tgtctttcat tatgcggtca ccatccttct tgcaacacag
 7500 cccttgaatg ccgttaaagt agaattgcc acaactaccg aaagcgttga ttcaaacaat
 7560 aaggtcaccg atgaagctca agctctttat tcaaacggaa cactatttca tggcgaatca
 7620 ctacaagggga tcaaacagat totatcctgt gatgacaaag gtctcttact tgctgtcag
 7680 ataacagaag ttgccacagc caaacagggc tcctttccct tagctgataa taacatcttt
 7740 gcgaatgatt tgggtgacca ggccatgctc gtctgggtga ggaaacagtt tgggctgggc
 7800 tcacttccct cagtcaccac agcttgacc gtatatcggg aagtagttgt cgatgaagtc
 7860 ttctatattgc agttgaacgt tgtggaacat gatttgtag ggtcacgtgg ttcaaagct
 7920 cgttgtagca ttcagttgat tgetgcggac atgcaactct tggcagaagt taaatctgca
 7959 caagtttccg tgtccgacat cctcaatgac atgagttga

<210> SEC ID NO 29
 <211> LONGITUD: 2652
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 29

60 atgacagagt tggcagtgat tggatggat gctaaattca gtggtcaaga taacattgat
 120 agagttgaga gagctttcta cgaggggtgct tacgttgaa acgtgagtag agtgagtacc
 180 gagtctaacg tgatttctaa cgggtgaggag caagtaatca ctgctatgac cgttctaaat
 240 agtgttagtc tcctagctca gaccaatcag ttgaacatcg cagacatcgc agtcttctc
 300 atagctgacg tcaagtcgc cgatgaccaa cttgtggtcc agatcgttag tgcaattgag
 360 aaacagtggt ctagttgtgt tgttatcgcg gaccttggtc aagccctcaa tcaagttgcc
 420 gaccttggtga acaatcagga ttgccagta gctgttattg gtatgaacaa tagtgtaat
 480 ttgtccaggc acgacctgga gtcagttact gctactattt cattcgacga aactttcaac
 540 ggatacaata acgtcgccgg gttcgtagt ttgcttattg cctccaccgc ctttgccaac
 600 gcaaagcaat gctacatcta tgctaacatt aagggattcg cacaatcggg agtgaacgca
 660 cagtttaacg tggggaacat tagtgatact gcaaagactg cactgcaaca ggcgtcaatt

ES 2 400 276 T3

720 accgctgaac aagtgggctt gctcgaagtc tctgccgtgg cggatagtgc tattgccctc
 780 tcagagagcc aagggttat gagtgcttac catcacacc agactctcca cactgacta
 840 tcactcgcac gcagcgtgac aggagaaggt gggtgcttca gccaaagtgc tgggctcttg
 900 aagtgcgta tcggcttgca tcagcgttac attcctgcca ttaaggattg gcaacagcct
 960 agcgataatc agatgagcag atggcgaaat agccctttct acatgccagt tgacgctagg
 1020 ccctggttcc cgcacgcaga tggtagcgcc cacatcgctg cctattcatg tgtgactgcc
 1080 gactcctact gccacatcct tcttcaagag aatgtgttgc aagagttggg gcttaaggag
 1140 acagttctgc aagacaatga tttgaccgag agcaagttac aaactttgga acagaacaat
 1200 cctgttgccg atttgagaac aaatggatac tttgcttctt ctgagttggc tctcattatc
 1260 gttcagggca acgatgaagc acaacttagg tgcgagttag aaacaatcac cggccaattg
 1320 tctacaactg gcattagcac aatttctatc aaacagatcg ccgcagactg ttatgcacgg
 1380 aatgatacca acaaagcata tagtgcagtc ttgattgctg aaacagcaga ggaactttct
 1440 aaggagatta ccttagcgtt tgcgggtatt gcactctgtt ttaacgagga cgctaaagaa
 1500 tggaagacac caaaggaag ctatttcaact gctcagccag cgaacaagca agctgcaaac
 1560 tcaacacaga atgggtgtcac gttcatgtac cctggaatcg gtgccactta cgttggcctg
 1620 ggtcgtgatc tctttcatct gtttcgcgag atatatcaac ccgtagctgc ccttgctgat
 1680 gacataggtg aatctctcaa ggatacccta cttaatccac gctctatctc gcgtcattca
 1740 ttcaaggaac ttaaacagct tgacctogat ctacgcggca atctggccaa catcgctgag
 1800 gctggagtgg gatttgcatt tgtgttcaact aaagtgtttg aggaagtatt tgcggttaa
 1860 gccgacttcg ctactggata ctctatggga gaggtttcca tgtacgctgc actgggatgt
 1920 tggcagcaac ccggttaat gtcagctaga ctggctcaat ccaatacgtt taatcacca
 1980 ttgtgtggtg agcttcgcac cttaaggcag cactggggta tggatgatgt tgccaatggc
 2040 accttcgaac aaatctggga aacatacacc attaaggcta ctattgaaca agttgaaata
 2100 gcttctgccg atgaggacag ggtttattgc acgatcatta acacaccaga ctcgctctta
 2160 cttgctgggtt atcctgaggg gtgccagagg gtcattaaga atcttggagt gcgtgctatg
 2220 gccttgaaca tggctaacgc cattcattct gctcctgctt atgccgaata cgaccacatg
 2280 gttgaactat atcacatgga tgtgacacca cgtattaaca cgaagatgta ctcttcatcc
 2340 tgctatctcc ctatccctca gagatccaag gctatctccc attctattgc aaagtgcttg
 2400 tgtgatgtcg ttgatttccc tcggcttggt aataccctgc atgataaggg agcagcagtg
 2460 tttattgaaa tgggaccggg aaggctcgctg tgttcttggg ttgataagat actcgttaat

ES 2 400 276 T3

2520 ggtgatgggtg ataacaagaa acagtcacag catgtctccg tcctgtgaa cgcaaaggg
 2580 acatcagacg aactgaccta cataagagcc atagcaaagc tcataagtca tgggtgtaa
 2640 ttgaacottg attctctctt caatggatct attcttgtca aagccgggca tategcaaat
 2652 accaacaat ga

<210> SEC ID NO 30
 <211> LONGITUD: 6036
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Moritella marina*

5

<400> SECUENCIA: 30

60 atggagaaca ttgctgttgt ggaattgct aacttgttcc ctggtagtca agctcctgac
 120 cagttctggc aacagttgtt ggagcaacaa gattgccgta gtaaggctac tgctgttcaa
 180 atgggtgtgg atcctgctaa gtacactgct aacaaagggtg atactgataa gttctactgc
 240 gttcacggag gttacattag tgactttaac ttcgatgcaa gtggttacca gttggataac
 300 gattacctcg ctggtcttga tgatcttaac cagtggggat tgtacgttac aaagcaagct
 360 cttaccgacg cgggttactg gggtagtacg gcattagaga actgtgggtg catacttggc
 420 aatctctcat tcccaactaa atcctcaaac cagctattca tgccttcta ccaccaagta
 480 gttgacaatg ctctcaaggc tgttctccat ccagacttcc agcttaccoc ttaacccgag
 540 cctaagaaga ctcacgccga taacgcttg gtggctggat acctgctgc cttgattgca
 600 caggccgctg gtctcggagg ttctcacttt gcccttgatg ctgcatgtgc tagtagctgc
 660 tattctgtaa agttggcctg tgattacttg catactggga aagctaacaat gatgcttctg
 720 ggagctgttt cagccgcaga ccctatgttt gtgaatatgg gtttctccat ctttcaagcc
 780 tatccagcta acaatgttca tgctcccttc gaccagaact ctcaaggctc gtttgccgga
 840 gaaggagctg gcatgatggt tcttaaacgc cagagcgatg ctgtcagaga tggcgatcac
 900 atctacgcta ttatcaaggg aggcgcactg tcaaacgatg gaaaggggtga gtttctctg
 960 agtccctaaca caaagggtca agtccctgtc tacgaaagag cgtatgctga tgctgatgtc
 1020 gatccctcta ctgttgacta cattgaatgt cacgccacag ggacacctaa gggagataac
 1080 gttgagttac gttctatgga gaccttcttt agccgtgta ataacaagcc acttctagga
 1140 agcgttaaat ctaacctcgg acatctcttg acagccgccg gtatgcctgg catgaccaa
 1200 gcaatggttg cgtagggaa gggcctaata ccagccacta ttaaccttaa gcagccactt
 1260 cagtcaaaga acggttactt tactggagag caaatgccaa ctactactgt ctcttggccg
 1320 accacaccgg gtgcaaaggc tgacaagcca aggacggcgg gagtcagtgt gtttggcttc

10

ES 2 400 276 T3

1380 ggtggatcaa acgctcactt ggtcttgcaa cagccgactc agactctgga aacaaatttc
 agcgtggcca aaccagga gcctttggct attattggca tggactccca ctttggatct
 1440 gcatctaacc tggcgcagtt taagacgctc ctttaataaca atcagaatac tttcagagag
 1500 cttcccagagc agaggtggaa gggaatggaa agcaatgcta acgtgatgca atccttacia
 1560 ttgaggaagg ctccaaagg tagttatggt gaacagttgg acatcgactt cttgaggttc
 1620 aaggtgcctc caaatgagaa ggactgtctg atccctcaac agttgatgat gatgcaagtt
 1680 gccgacaatg ccgccaaga cggagggtc gtcgaggga gaaacgtggc tgtacttgct
 1740 gcaatgggca tggattgga acttcatcag taccgtggac gcgtaaacct tacaactcag
 1800 atagaggata gtcttctaca acaggggatc aatttgactg tggagcagag agaagagttg
 1860 accaacatcg ctaaggatgg agttgcctca gccgctcaac tcaaccagta cacctcttcc
 1920 ataggcaaca ttatggctag tcgcattagt gccctctggg atttcagtgg ccttgcatt
 1980 accgtctccg ctgaggagaa ctccgtttat cgttgcctcg agcttgetga gaatctctt
 2040 caaacaagcg atgttgaggc agttatcata gcagccgtgg accttagtgg ctccatcgag
 2100 aacattacc tccgacagca ctacgggctt gtgaacgaga aggatctgt ttcagagtgt
 2160 ggacctgtta atgaatcgtc ttcagttacc aataacattc tcgatcaaca gcaatggctt
 2220 gttggagagg gagccgcagc tatcgtcgtg aagcctagt cacaagtgc agcagaaca
 2280 gtgtacgcga gaatcgacgc agtgagtctc gctcccgtta gcaacgctaa ggcaataact
 2340 atcgcgcagc ataaggcttt gacctagcc gggatctcag cagcagatgt cgcagcgtc
 2400 gaggcacatg ctagtggttt cagtgcagc aacaatgctg agaagacagc tctcccagc
 2460 ctttaccctt cggctagtat ttctcagtt aaagccaaca tagggcacac cttcaacgcc
 2520 tcagggatgg ctagtatcat taagaccgct cttctcctg accagaatac ttctcaggac
 2580 cagaaatcca agcacatcgc tatcaacgga cttggtagg ataatagctg tgcccacctc
 2640 atactttctt cgtctgctca agcacacca gtggctcctg ctccagttag cgggatggcc
 2700 aaacaagac cacagctagt gaagactatt aagctgggag gtcaactaat ctccaatgcc
 2760 atcgttaatt ccgccagctc cagtctgcac gctattaagg ccagttcgc tgggaaacat
 2820 ctgaataagg tgaaccagcc tgttatgatg gacaacctga aacctcaagg gatctctgca
 2880 catgcaacta acgagtatgt ggtcactgga gctgctaaca ctcaagctag taacatacaa
 2940 gcctcacacg tccaggctag ttctcagca caggagattg caccaaatca agtgcagaac
 3000 atgcaagcta ccgctgctgc agtaagctcg ccattgtcac agcaccaaca cacagctcaa
 3060 cctgtggccg caccatcagt tctcgtgtg actgtcaagc acaaggcaag caatcagatt
 3120

ES 2 400 276 T3

3180 catcaacagg catcaacca caaggcattc ctggaatcac gtcttgcggc ccagaagaat
 ctgtctcagt tggttgagtt acaaactaag ttgtccattc aaaccggctc tgataatagc
 3240 tccaataaca ctgcttctac ctctaacacc gttcttacta atcctgtttc ggccactccc
 3300 ttgaccttgg tttctaacgc tctgtttgtg gcgaccaacc ttactagcac cgaagetaag
 3360 gcacaggccg cagccacaca agcgggtttc cagatcaaag gccctgtcgg gtacaactat
 3420 ccacctctgc aattgattga aagatacaat aagcccgaga atgtgatata cgatcaagcg
 3480 gatttggtgg agttcgcgga aggtgacatt gggaaagtct ttggtgctga gtacaacatt
 3540 attgatggat actctcgcag agttagactg ccaacctctg attatctgct tgttaccagg
 3600 gttaccgagt tggatgcaaa ggtgcatgag tacaagaaat cttatatgtg taccgaatac
 3660 gacgtaccgc tggacgcacc attcttgata gacggacaga tcccttggtc agtagccgtg
 3720 gaatctggtc aatgcgatct tatgttaatc tctacattg gaatcgactt tcaagccaag
 3780 ggtgaacgcg tttatcgtct tctcgattgc gagctaacct ttctcgaaga gatggcattc
 3840 ggcggtgata cacttagata cgagatccac attgatagct atgcaaggaa tggcgaacag
 3900 ttgttattct tctttcatta cgattgttat gtgggcgaca agaaggtggt gattatgagg
 3960 aacgggtgcg ctggtttctt tactgatgag gaactctctg acgggaaagg cgttatccat
 4020 aatgacaaag ataaggctga gtttagcaac gctgtgaaat ctagctttac acccttgctt
 4080 cagcataaca gaggacagta cgattacaat gacatgatga agttagttaa tggcgatggt
 4140 gcaagttgct ttgggccgca gtatgaccaa ggagggcgca atcctagctt gaagttcagc
 4200 tctgagaaat tccttatgat agaaagaatc accaagattg atccaacggg aggccattgg
 4260 ggtctgggtc ttctggaggg acagaaagac ctcgatccgg aacattggta tttcccttgt
 4320 cactttaaag gagaccaagt catggctggg tcttgatga gcgaaggctg cggtcagatg
 4380 gcaatggtct tcatgctctc tctcgggatg cacaccaatg tgaacaatgc tagatttcaa
 4440 ccactgcccg gcgaatcca aacagtccgg tgccgtggtc aagtgtccc tcagcgaat
 4500 actctgacgt atcgtatgga ggttactgca atggggatgc accctcaacc attcatgaag
 4560 gcaaacatag acatcctctt ggatggcaaa gtggtagtag atttcaagaa tctttcagtt
 4620 atgatttcag aacaagatga acactctgat tatccggtca ctctcccatc taatgtggca
 4680 ttgaaagcca tcaccgcgcc agttgcctcc gtggcaccag cctcaagtcc ggccaatagc
 4740 gcggatcttg atgagagagg agtggaaacc tttaaattcc cagagcgcct tctgatgagg
 4800 gtgfaatcag acctatctgc tcccaaatcc aagggcgtta ctcccatcaa gcacttcgag
 4860 gctcctgccg ttgccgggca tcataggggt ccaaaccagg cacccttca ccttggcat
 4920

ES 2 400 276 T3

4980 atgtttgagt tgcgtactgg gaacattagt aattgctttg gtccagatth cgacgtttat
5040 gaaggtcgca tacctccacg aacaccatgc ggcgacttac aagttgtgac tcaagtggtt
5100 gaagttcagg gagaaaggct tgatcttaag aatccatcct catgtgttgc tgaatactat
5160 gtaccocgagg atgcttggtg tttcaciaag aatagtcacg agaattggat gccctattcg
5220 ctaattatgg aatagcact gcaaccaat ggctttattt ctggttacat gggcactact
5280 ctcaaatacc ctgagaagga tctattcttt aggaatcttg atggetcccg aactttactt
5340 aaacagatcg acctcagagg gaagacaata gttaataagt ctgtactcgt ttctaccgca
5400 atcgcctggg gagctattat ccaatccttt acattcgaca tgagtgttga tggagaattg
5460 ttctacaccg ggaagcagt gtttgctat ttctccggag aatctttgac taaccagcta
5520 gggattgaca atggcaagac gacaaacgct tggttcgtcg ataataacac acccgcagct
5580 aacattgacg tgtttgacct cacaaatcag tccctagcac tctacaaagc gccagttgat
5640 aagccacatt acaaattggc tggaggcag atgaacttta ttgatacggg ttctgtttgt
5700 gaaggaggcg gaaaggccgg tgttgacatac gtgtacggg aaaggacaat tgatgctgac
5760 gattggttct ttcggatca ctttcatcag gaccctgtca tgcccggatc gctgggtgtg
5820 gaagcaatta tcgagcttat gcaaacctat gctctgaaga acgatctcgg aggcaaattt
5880 gcaaatccac ggtttattgc accaatgacc caagttgatt ggaaataccg aggtcagatt
5940 acacccttga acaaacagat gtcactcgat gttcacatta ctgaaatagt caatgatgag
6000 ggtgaagtca ggattgtggg agacgcaaat ctctcaaagg acggacttag gatctatgaa
6036 gtaaagaaca tcgtgctctc catagttgag gcatga

<210> SEC ID NO 31
<211> LONGITUD: 1617
5 <212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

<400> SECUENCIA: 31

60 atgagttctt tgggtttcaa caacaacaac gctattaact gggcttgaa gttgatcct
120 gctagtgttc aactcaaga tgctgagatt aaggcagctt tgatggattt gactaagcct
180 ttgtacgttg ctaacaactc tggagtgact gggatcgcca atcataccag cgttgccggga
240 gccatctcaa ataacataga cgtggatggt cttgctttcg cccagaaact gaatcctgag
300 gaccttgggtg atgatgctta caagaaaca catggcgtta aatagccta tcatggaggg
360 gcaatggcaa acggtattgc aagtgtttaa ctggctcgtg ccttaggaaa ggcgggtttg
10 420 ctttgttctt tcggagcggc cggactcgtg cctgatgccg tcgaagacgc gatcagacgt

ES 2 400 276 T3

480 atccaagctg agcttccaaa tgggccatac gcagtaaacc ttattcacgc accagccgag
540 gaagctcttg agagaggcgc tgctgagagg tttcttaagt tgggtgtcaa gaccgtagag
600 gctagtgcct acctcggctc caccgaacac attgtttggt atcgagccgc tggactcacc
660 aagaacgccg acggtagtgt taacattggc aataaggcca ttgctaaagt ttcgaggacg
720 gaagttggga ggcgcttcat ggaaccagct ccacagaagt tgctcgataa gttgcttgag
780 cagaataaga tcacacccga acaagccgca ttggctctct tagtgcctat ggcagatgac
840 attactgggt aggctgattc aggaggccat actgataatc gccctttcct cacacttctt
900 ccaacaatca tagggctccg cgacgaagtt caagctaagt acaactttag ccctgcccta
960 agagtgggtg ctggagggtg aatagggacg ccagaagcag ccctggccgc attcaacatg
1020 ggagctgect acattgtgct cggcagcgtg aatcaggctt gcgtcgagge tggagcctct
1080 gagtacacaa gaaagctggt gtccaccgta gaaatggctg atgtcacaat ggctcccgct
1140 gccgatatgt ttgagatggg agttaaatta caagtgctta aacgcgggctc tatgtttgct
1200 atgagggcta agaaaactata tgacttgtag gttgcatacg atagcatcga agacataccg
1260 gcagcggaga gggagaagat agagaaacag attttcaggg caaacctgga tgagatttg
1320 gatggcacta tcgctttctt tactgagcgt gatcccgaaa tgttggcacg tgccacctcg
1380 tctccgaagc gtaagatggc gcttatcttt agatggatc taggtctctc atccagatgg
1440 tctaataccg gagagaaggg acgggaaatg gactatcaga tttgggcccg gccttcattg
1500 ggagcattca atagctgggt taaagggtca tacttagaag actacactag acgaggcgca
1560 gtggacgtgg cacttcacat gctgaaaggt gctgcttatt tgcaacgggt taatcagttg
1617 aaactgcaag gcgtgtcact ttccacagaa ctcgcatcct atcgtacctc cgactga

5 <210> SEC ID NO 32
<211> LONGITUD: 48
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

10 <220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador
<400> SECUENCIA: 32

48 agctgcggcc gcatttaa at ggcgcgcccc tacgggcccg ccaagct1

15 <210> SEC ID NO 33
<211> LONGITUD: 48
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: Artificial

20 <220> CARACTERÍSTICA:
<223> OTRA INFORMACIÓN: Cebador

ES 2 400 276 T3

<400> SECUENCIA: 33

48 ggccaagctt ggccggcccc tacgggcccg ccatttaaatt gcggccgc

5

<210> SEC ID NO 34
<211> LONGITUD: 864
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Moritella marina*

10

<400> SECUENCIA: 34

60 atgtacagcg gcgtaagga caagctcacc ctcaccacaa acgagatcca cctctggagc
120 gtgacacctc agaccatcca gcagcccagc ctgctccagg cctactccca gctcctgtct
180 ccagccgaga ccataagca gcagaggttc cgcttcgaga aggaccgcca caacgccctc
240 atcacccgcg ccttcgtgcg cgacctctg tcccactacg ccgacgtcct cccagccgac
300 tggcagttcg tcaagggaga gaaggacaag cctgagatcg ccaaccctcc actccctctg
360 aggttcaaca tctcccacac cgacaacctg attatctgcg ctgtcatgct gaacgacgac
420 atcgggtgcg atgtcgagaa cacactgagg tctctaacg ttctttccat cgctaagcac
480 tctttctcag attcagagtt caacgatctt cttacacagc ctacagctca gcagacttca
540 agattcttcg attactggac tcttaaggaa agctatatca aggcattggg attgggttg
600 tcaataccat tgaagattt cagtttcacc cttcccgaag gtttccaaca gcagtatcaa
660 caagaggatc aacaagagaa tcaacattgc atagatacta taaagttgct ctttgctcct
720 catagaattg ataatacaaa tatttggcgt cattgggtgt tttatccaaa caatactcat
780 cgtgtggcac tcgctgttag agcaaggctc aacaatcaac aaaccgaata taaaatgccc
840 ttctttaata gtactcctct catcaatata accgaaacce ttatcttcaa gcccgaaaca
864 aattttaaac ccgatgctaa atga

15

<210> SEC ID NO 35
<211> LONGITUD: 748
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Brassica napus*

20

<400> SECUENCIA: 35

ES 2 400 276 T3

60 ctgatacaca ctttaagcadc atgtggaaag ccaaagacaa ttggagcag actcagggtc
120 gtcataatac caatcaaaga cgtaaaacca gacgcaacct ctttggttga atgtaatgaa
180 agggatgtgt cttggtatgt atgtacgaat aacaaaagag aagatggaat tagtagtaga
240 aatatttggg agctttttaa gcccttcaag tgtgcttttt atcttattga tatcatccat
300 ttgcggtggt taatgcgtct ctagatatgt tcctatatct ttctcagtgt ctgataagt
360 aatgtgaga aaaccatacc aaaccaaact attcaaatct tatttttaat aatgttgaat
420 cactcggagt tgcaccttc tgtgccaatt gtgctgaatc tatcacacta gaaaaaaca
480 tttcttcaag gtaatgactt gtggactatg ttctgaattc tcattaagtt tttattttct
540 gaagttaag tttttacct ctgttttgaa atatatcgtt cataagatgt cacgccagga
600 catgagctac acatcgaca tagcatgcag atcaggacga tttgtcactc acttcaaaca
660 cctaagagct tctctctcac agcgcacaca catatgcatg caatatttac acgtgatcgc
720 catgcaaact tccattctca cctataaact agagcctcgg cttcactctt tactcaaacc
748 aaaactcatc actacagaac atacacaa

<210> SEC ID NO 36
<211> LONGITUD: 313
5 <212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Brassica napus*

<400> SECUENCIA: 36

60 gagtgtgtat accacggtga tatgagtgtg gttgttgatg tatgttaaca ctacatagtc
120 atggtgtgtg ttccataaat aatgtactaa tgtaataaga actactccgt agacggtaat
180 aaaagagaag ttttttttt tactcttgc actttcctat aaagtgatga ttaacaacag
240 atacacaaa aagaaaaca ttaatctata ttcacaatga agcagtaacta gtctattgaa
300 catgtcagat tttcttttc taaatgtcta attaagcctt caaggctagt gatgataaaa
10 313 gatcatccaa tgg

<210> SEC ID NO 37
<211> LONGITUD: 7596
15 <212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*

<400> SECUENCIA: 37

ES 2 400 276 T3

60 atgagccata ccccttcaca gcctcaacct tcaaccgata aaaaagccga taaaaggcta
120 aataaacgct tgaaagatat gccattgcc atcgttggta tggcgagtat ctttgcaaac
180 tcacgctatt taaataagtt ttgggattta atttgcgaca agattgatgc cattaccgac
240 gtgccagcca gccattgggc gattgatgac tattacgacg tggataaatc caaggccgat
300 aaaagttact gcaagcgcgg tggctttatg ccagaggtcg acttcaatcc tatggagttt
360 ggtctgccgc ccaatatttt ggaactcacc gacagctcac aattgctttc cctcgtcgtg
420 gccaaagaag tgctgcagga tgccaatctg ccagacgatt acgaccgtga ccgcatcggg
480 atcacccttg ggattggcgg cgggcaaaag ctaagccata gcctcaacgc gcgcctgcaa

ES 2 400 276 T3

540 tatecctgtgc ttaaaaaagt atttaaaaagc agtggcctga gcgatgaaga tagcgagctg
 600 ctgatcaaaa aattccaaga ccaatatgtc cactgggaag aaaactcctt ccccggtcc
 660 cttggcaacg tgattgccgg acgcatcgcc aaccgtttcg attaggtgg aatgaactgc
 720 gtcgtcgatg ccgctgctg aggatcgctt gccgccatgc gtatggcgct caccgaactg
 780 accgaaggtc gcagcgacat gatgatcacc ggcgggtgtct gtaccgaca ctcgccttac
 840 atgtatatga gtttctcaaa gacaccgccc tttaccacca acgagcaaat ccaacccttc
 900 gatatcgact ctaagggcat gatgattggc gaaggcatcg gcatggctgc cttaaaacgc
 960 ctcgacgatg ccgagcgcga tggcgaccgt atttatgcgg taatcaaagg cgtaggcgcc
 1020 tcatcggacg gtaaatttaa gagcatttat gcgcccgcgc ccgaaggcca agccaaggca
 1080 ctagagcgcg cctatgatga cgcgggcttt gcgcccacaca ctggttgctt gattgaggcc
 1140 cacggcacag gcacagccgc aggcgatgta gcggaattta ctggtttaag ctcagtgttt
 1200 tctcaggata acgcgagtt acagcatatc gccttaggct cagtcaaate tcaggtgggc
 1260 cacactaaat ccaccgcggg cacggcgggt gtgattaagg ccgcgctggc actgcaccat
 1320 aaagtattgc caccacgat taacgtcagc aagcccaatc ctaagcttga gattgatcgc
 1380 tcgccctttt atctcaatac cgaggcgcgc ccttgatcc aacgcagtga tgatacgcg
 1440 cgccgcgctg ggataagctc ctccggtttt ggtggcaca acttccattt agtactcgaa
 1500 gaataccgcc cagatcacac gcgcatgac gcctatcgtc aacgcagcgt ggcacaaatc
 1560 ctactgtttg cggctaacga taaaaccttg ctactgaacg agttaaagc tgttttacia
 1620 caagcaagct cagctaaggc ggagctttct gaggcgcat tttatcagtt tgctaaacct
 1680 tacgccctgc gagaaattac gccgcaatcg gcccgcttg gctttatcgc caaagactat
 1740 gccagttac agactctgtt aaccaagcg atagcgcagc ttgaagcaa taacgctgag
 1800 agctggcaat taccttctgg gatcagctac cgcgccaagg ccttagtcaa tgagcaaacc
 1860 aagatcgccg cgctatttgc tggtaaggc gcgagctacc tgaatatggg actggagctt
 1920 gccaaataact tccccgagct tcgcccctat atccacgcca gcgataaagt gtttagtacc
 1980 catggtaagc ctgctcttcc aagcgtgctc tatectatc cagcctttga tgatgagctg
 2040 ataaaagcgc aggaaacggc attaaccaac actctgtatg cccaaagcgc catcggcgcg
 2100 ctctcaatgg cgcagtacgc cctgtttact caggcaggtt tcgccccaga tatgctggct
 2160 ggtcatagct tcggtgagct ttccgcccctg tgcgcccagc gggttatctc aatggatgac
 2220 tacatcaaac ttgcctttga gcgtggacag gcgatggcgc agtcatccca agataccgat
 2280 gcgggtgtta tgtatgcagt gatccttaag caaaaacaag atattgaggt aatcaacggt

ES 2 400 276 T3

2340 tgccttgccg agtttgaagg cgtcaaagtt gccaaactaca actcacccac tcagctgggtg
 attgcaggcg ctagtgccgc cacccaacag gcggctaagg ccattagcga gttaggcttt
 2400 aaggcgattg ccctgcccgt ttctggcgcc tttcacacgc cattgggttg ccatgcacaa
 2460 aagcccttta gtgcagccat cgataagget cagttcaaca cgccaaagat tgccttatat
 2520 gccaatggca caggecagct gcatcctatc gatgccaacg ccatcaaagc tgccttgaaa
 2580 gatcatatgt tgcaatcggg gcacttttagc gagcagctag aagccatgta tgccgcaggc
 2640 gcacgggtgt ttgtcgagtt cggcccaaaa aacattctgc aaaagttaac tgaaaatacc
 2700 ctgcggcgcc agttaaaccg gctgtgtatt atcagcatta accctaacc caagggcgat
 2760 agtgacagcc aactgcgcag cgcgcagtg caactggcgg tggcgggggt aaaactccgc
 2820 gagattgatc cgtatcaagc agagttaatt gcccagcag caacatcggc catgaatata
 2880 aaactcaatg ccaccaacta catcagccca gcgacccgca gcaaaatggt cgattcgcctg
 2940 caatcgggca aaattaccag ccaagtgcag tatgtggatc gcatcgttga aaaagtgggt
 3000 gagaaagttg ttgaaaaacc agtgattgtc gaaaaaatc tagaaaaggt tgtcgaagtg
 3060 gaaaagcccg tggcacaaaa tagcaataat attcaacagc aaacgcctgc acagccagcc
 3120 agctttaccg ctggacagac gaatcaagat gccctgagcg ccttttttgc cgcctaaacc
 3180 caggcagcgc aattacatca acaatttttg gccattccgc agcaatacgg cgatacagtc
 3240 agcgcactga tggcagagca agccaaaatg gcaagccttg ggatcgctat tccagagagc
 3300 ctacaacgct caatggaact gttccatcag caccaagcgc aaaccctaaa aagtcatagt
 3360 gactttatgc aattgcaaac cagcagtagc caagcagtac tggcattatt aggtcaaagc
 3420 ccagcgtctc aggttcaagc cccattcaa gccgctgcac cagtggcagt agcagtgaca
 3480 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 gtggtggcag acaagaccgg ctatccggtt gaaatgtag aacttagcat ggatatggaa
 3780 gcggacttag ggatcgactc cattaagcgc gtagaaatc taggcacagt gcaggatgaa
 3840 ttaccgaacc tgccagaact cagcccagaa gatttagccg agtgccgcac cctaggggaa
 3900 attgtggcgc tatttagcca agcagctcct gtaacatctg cgaccactgt tagccatgct
 3960 acacaaagtg ccgtagccgc aagcgcggcg gttccaatg atgagattga gcgcactatg
 4020 atggcggctg tggccgacaa gactggctat cccgttgaaa tgctggaact cagcatggat
 4080

ES 2 400 276 T3

4140 atggaagccg accttggcat tgactccatt aagcgcgtgg aaattctagg cacagtgcag
 4200 gacgaattac ccaacctgcc agaactgagc ccagaagatt tagccgagtg ccgtacccta
 4260 ggggaaattg tggcgctatt tagccaagcc gtcccagtg cagcacaac ctttgcagcc
 4320 atggcagcaa cgaatcctca ggttgtcgcc tctgccgtea cgccaattgc ggccgatcc
 4380 gatggcgaga ttgagcacac tatgatggcg gttgtggccg ataaaaccgg ttatcccgtt
 4440 gaaatgctgg aactcagcat ggacatggaa gccgacctg gaattgactc cattaacgg
 4500 gtggagattt taggcacggt gcaagataag ctgccaaatc tgccggaact cagcccagaa
 4560 gatttagccg agtgccgaac cttaggggaa attgogggcg tctttagcca agcggctcct
 4620 gtaacagctg cggccacagt tagccatgcg acacaaagtg caatagctgc aaggggcgcg
 4680 gtttctaata atgaaattga gcgcactatg atggcggttg tggccgataa aaccggttat
 4740 cccgttghaa tgcttgagct aagcatggac atggaagccg accttggat cgattccatt
 4800 aagcgcgtgg aaattctagg cacagtacaa gaccaactgc caaacttgc agaactcagc
 4860 ccagaagatt tagccgagtg tcgtacctg ggtgaaattg tcgccctcta tgctggttcg
 4920 caatcatcaa gtgaggcgct acaacaaaac catgctgcga caattcaaga gactcaagag
 4980 gctattgcaa aaaccgtcga ggaaaccatc gacctgccgc cccatagtga ggtgatgcta
 5040 aaaaagttgc cagcggcggc tgagttagcg cgcacatcg caactagcga tgttcaactg
 5100 acggcaaaaca gttacgtcgt tatcggcgac gatggccaca acgcggggt gattgccgaa
 5160 aagcttcacg cccaaggtgt taaggctcgc gttgtacgt cacctaaaac ggttgtgacc
 5220 agcgcacgca cactcgatag ccatattgcc agcttcacgc tggaggctat tgatgatgaa
 5280 agcatttgta aggtcatcaa tcagattgaa gcgcttggcc aaatcgccgg ttttattcat
 5340 ctgcagccac agcataaatc cgttgccgat aaaggtgctg gcttagtgct ggtagatgaa
 5400 gccaaagctt cggtcgagca agccttcttg ttccgcaaat tcttacaacc gcttttaact
 5460 gaacgtgact attgccgctt tgcaccgtc agctgtatag acggtggctt tggctatata
 5520 ggcattggag agtcggtagg tgccctcacc agccagagtg aactcaacca agcggcgctc
 5580 tttggactca ctaaaacctt aaatcacgag tggccgggag tggctgccc cgcgctggat
 5640 atcgcgcaa acttggacgc taaaacggtc gccaatgccc tggcagga atactacctt
 5700 caagatgccc cggtcgaagt cggattgat agcaactttg atcgcgtgac attagttgca
 5760 ggcaccgctg cacttcgcca tccaccgcc gtccttagca atgcagataa aatactggtc
 5820 acggcggtg ctaaaggtgt cacttttgaa tgcgccttaa gcttagcaaa acgctgtcag
 5880 gcacattttt tcctcgtcgg ccgtagcgcc caccaagtga tcctcgtatg ggcagagga

ES 2 400 276 T3

5940 aaaaagagca acgaactcaa agccgcagcc attgcgcacc tgcaaagcct tggtgataaa
 6000 cccacaccaa aacaagtgga cgccttagta tggcccgtgc agagcagcct tgagatcagc
 6060 catgctttag cgcctttga tgccattggc gccagcgtg agtacttaag tgtggatgtc
 6120 aacgaccctg cggccattgc cagcaaccatt gcgcccatta acgcactatc gcctatcact
 6180 gggattatc acggtgcggg agttctagcc gataaacata ttcaagacaa gacctaaat
 6240 gaatttgaac gtgtctatgg tactaaggtc accgggctta ataactgtct gccaacgctg
 6300 gatcttagcc aagtaaaact gattgcactg ttctctcgg cggcggggtt ttacggcaat
 6360 accggccaga gcgactacgc catgtctaac gacattctca ataaagccgc gctgcaactt
 6420 gcgcagcaat taccacaagc caaggatgat agcttcgact ggggtccttg ggatggcggc
 6480 atggtcaatc cagcgtgaa aaaaatgtt attgaccgcg gggtttatgt cattccactc
 6540 aaagcgggtg ccgagttatt tgccagccaa ttattgagtg atacaggcgc acagctggtg
 6600 gtcggaaccg atatgcaggg caataccgcc aatgccgttg aagttgcac agcaaaaaag
 6660 cctgaagcgg atctagccac agcgttagat ccgcagccta tggcccaaac ggtgccgcag
 6720 agcattcgcg tcatgcgcag cctcgaccct aaacgcata gctttattga ggatcattgc
 6780 atcaatggtc atgcggtgtt gccaacggtg tgcccatcg attggatgcg tgaggccgcc
 6840 aaggccatt taggtacggc ggtgagtgtc agcattatc gactgctcaa gggagtaatc
 6900 ttcgatgagg cgctccttc acgcaatgcg cctattgagc tcgaattgat gctcacgccg
 6960 cttgctgacg ctgcacaaca atcgactgag gcgttagccg cgctgataag ctttgaaggt
 7020 cgcccgcagt atcaggcggg gttagtggcg cagacggatg atatgccaga cgcgcagcgt
 7080 ttcgaggtg gcgagttgca ttctctgata caggagatgg cacagcaacc cgctatcgcg
 7140 aaccgcgagt cgctctacag cgatggcacc ttgttccatg gcccgagact gcaaggcata
 7200 agcgaagtgc tcaccttga tgaccaacat cttatggcca aagtagaact gccacaggtg
 7260 gccttagacg actgcggcaa gtttgcgcca aagcttgagg ataagggtac acaaccctt
 7320 gccgaagatc tgttattgca ggccatgctc gtgtgggctc gccttaaata tcaagcggca
 7380 agcttacca gcacgattgg cgagtttgtt tctatgcgc ccttgagctt tggtgaaaag
 7440 gcagtattag tgctggatgt gcttaagcac tcgtcccgct cgcttgaggc gaatattgcc
 7500 ctctaccatc aggatggccg ttaagctgc gagatgaaac gagcaaaagt cacgatcagt
 7560 aagacgctta accaagcatt tttggctaat aaacctcaac aactggcgca agtgcaggca
 7596 tcaatccaaa acatggcga ggtaagtgtt aagtga

<210> SEC ID NO 38
 <211> LONGITUD: 2205
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*

5

<400> SECUENCIA: 38

ES 2 400 276 T3

60 atggettgtc gcattcagct caatgttgaa gataagctac tgattgatga gccatctgat
 120 gagccatctg atgagtcaac cttagtcgcc ttactcagcg agcagctcgc ccatattgcg
 180 caaaaacaac tcgttgaaat ccgctttgaa tatcaacagc aagttcgtag tctgtttctg
 240 ctcgatggac tacttgccgc gcaattacac ctgcatgccg aggcttatat ttcagccttg
 300 gcacagactc aagccgaagc gaatgaagca ctctgcgata tagaaatcga aaactgtaca
 360 aatcgcgctt ttgccctcgc caaacgcgat tgtgctcagg cggttaattg ctactcggat
 420 gcaggcaatc ttgccagtca gctaaagctt ttatatcaag ctattgaggc gttaagtcac
 480 cgaacgctag caggtattac gccaatgctt gccacactca atacagaaaa aacagagcga
 540 tgttattggt tctccaagcc ccatcaagca aggggtgtaa gcctaaatct cttcgataaa
 600 gccctcaag ctccagacagc ccaaagcctt atcttgactc aaggtagcag gcttatcgct
 660 caaccgttgc tcaatgceaa caggctgttt attcccatca gcggcaatga gtttgagtcg
 720 ttaacgctta agttggttga actgattgat tcattgacct tatcgttaaa ccaacctgat
 780 acggattggc tcagcagcca aggcagtgat tggtttaagc gctatcaagc aaaggatgaa
 840 ttagccttag tgctgatggc aggcctcctt gaagagttaa tgcaagaagc caaagcgatg
 900 cagactttta ttgaaaaggc acgactgact attgagtcca gcgcatccaa gcacagtgca
 960 tccaagccta gtgcatcgac aagtttggtt tttaaaacc cagcgggcag ttattttgcg
 1020 gcctcgcccc ttggtgataa gggcttaacc ttcgtctatc ccggcgtagg cactgtttac
 1080 ccgaatatgt tcagcgactt acatagctat ttccctgagc tttatcgcga gcttgaacgc
 1140 gaaggggatt tagccgccat gttgcaggcc gagacgattt accaagacgc ggcttatgcg
 1200 aaaaccgcag ttaatgtaag cgtaaaagac accgcagaaa tgagcttaag ccagctcgc
 1260 attagcggcg ttggtgcgag ttacctttt agcaagttat tgactggcgt ctttactatc
 1320 caaccacggc tcgcactggg ctattccatg ggtgaagcag ccattgtggc aagtttagct
 1380 atctggcaaa cccccacag cctgattgat gccacccaag gcagcgcgat tttcaaccac
 1440 gaaatctccg gtaaacttca agccgttcgc cgcgactggc aattgaatga agatgctccg
 1500 ctggcgtgga atagcttttt agtgccgcga accagtaccg aaattaatcc actgctggct
 1560 gattttccgc gggtttatct ggccatcgaa cagggcgata cctgtattct cgcgggctgc
 1620 gaagcaagct gcttacagct ccttgcaagg ctgaataagc gtggcattgc cagcaataaa

ES 2 400 276 T3

1680 gtgacggcca tgcatactgc gccttcgcag tcacagcgca atgcaatcca agggttttat
1740 accttagget taaagggcac agcctgcgag actcaggttc gttttattag cgcggcgag
1800 catagecccc tcaatattga tagcatgagt attgccaaaa gcattgccga taccttttgc
1860 gcgcccgtga attttaccgc gctgattaac accgcgtata accaaggtgc gcgcttattt
1920 gttgaggtgg gcgccgatcg tcaaaccagc acccttatcg ataaaatcag ccgccaactt
1980 gagttggggc ccgatgggtg tcaagaaccg atattagcca tggcatgcaa tgccaagggc
2040 agcgatacga tcgtcagttt gctcaaatgc ttagctcaac ttatcagcca tagagtgcc
2100 ctctccctgg cggcacttat gcctcaatcg gcagctcaat cagcaacgca ctcagcaact
2160 atccatgcgg ataagactgc ggctaaaacg atagcgtcac actctgccaa cgctgcgca
2205 ttaggccatt attcaaactg attccaagaa ggagaacccc tttga

<210> SEC ID NO 39
<211> LONGITUD: 5892
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*

5

<400> SECUENCIA: 39

60 atgagttctc aatgcatac tcacccgact ctgcaagaca gcgcccgtgt gccaaacgac
120 cagcgccaaa cgtaaaggc gatgccaaag attgccattg tcggccttgc tgtccagtat
180 cccgatgccg acacaccgga gcagttttgg caaaatctgc tggataaaaa agattcccgc
240 agccaaatcg acgcgcccaa actcaatgcc aatcctgctg attaccaagg gattcaaggc
300 caagccgacc gtttttactg cgacaagggc ggctatatcc gcaactttcg tttgatcca
360 cagggttatc agttactgcc agccactttt gcagggctgg atgaaagctt tttatgggca
420 ttagattgca gtaaaaaggc cctactgaat gcgggcgtgg atttaacggc gccattactt
480 gagcgcacag ggattgtgat gggcacgctc tccttcccga cggtctgctc caatgaatta
540 tttttaccga tttaccatca agcggttgaa aaggcattaa aaaccaagct taatcaacca
600 caatttgect tagcgcctt cgccaatgct tcaattgcgg gctcgcgaact ggagccaat
660 ggtgtcattg ctcatcggc gtctaagttg ttaagcgatg cctcggcct tggcggcgca
720 cagctcagtc tcgacggcgc ctgcgccagc tcagtctatg cctcaaatt ggccctgcgat
780 tatttaacca cgggcaaggc cgatatgatg ctgcggggcg ctgtatcggg cgccgatccc
840 ttctttatca atatgggatt ctcgatttct cacgcctatc cagaccatgg gatttcggcg
900 cctttcgata gcaatagcaa aggcttattc gcgggcgaag gcgctggcgt attagtgcct
960 aagcgtttag aggatgccga gcgcatggc gataatatct atgctgtggg cagtggcatt

ES 2 400 276 T3

1020 ggtttatcga acgatggcaa aggccaattt gtcttaagcc ccaacagtaa gggccaagtg
 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 cgctcagggc atctaccgcc aagtatcaat ttaacggcgc cgatttcac acctaaaggg
 1320 ttgtttagcg tcaataatct tcccacacag cgtcaggctt ggcccgataa agcgggcaac
 1380 gatcgtcggc atgcaggggt gtctgtattt ggttttggcg gctgtaacgc ccatctgttg
 1440 ttggaatcct atcaaccgac agcgcacagc gccgagaagc aagccaacaa acctgtttat
 1500 cagcagcaag cattaaccgt tataggcatg gcgtcgcatt ttgggccttt ggcctccatc
 1560 aatgcgctgg ataaggcgt aatagcccaa acggatgcct ttatccgct gccccctaaa
 1620 cgatggaaag gcttagataa acaccccgat atcttgagc aatttgcoct aaatcgcgcg
 1680 cccaaaggcg cctatatcga gcagtttgac ttcgactttt tgcgcttaa agtgccgccc
 1740 aatgaggatg acaggcttat ctcccagcaa ttgttgctga tcaaagtcgc cgacgaagcg
 1800 attcgcgatg ccaagttaac cgcaggcagc aaggtcgcgg tgtagtggc gatggaacc
 1860 gagcttgagc tgcaccaatt ccgtggccgg gtgaatttgc acaccaact ggcggatagc
 1920 ttaaagaaac aaggtgttca cctctccaat gatgaatacc tcgcctcga agccatcggc
 1980 atggacagcg tgctcgatgc cgccaagctc aatcaataca ccagctttat tggcaatatt
 2040 atggcgtcgc gcatcgcctc 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 ccggcgctat cgtgcttaca aaccagcaag cgagcaacag tcaacaagcg
 2340 ggttacggcc aaattcgtgg tcaagcattt ggcacaaacc atcagctgcc taagctgctt
 2400 gattcgtga taaccgaaac ggctatcggc aatcettcaa tgccaacggc catccatag
 2460 attgagcaat gtattgcccc agaagaacaa ctgccagcag agcatttatt agcgcagctt
 2520 aatcttttgg ggacgtcatg caatcgagtc gccaatacce ttggacataa ctttgccgct
 2580 gcaggtatgg ccagcttctt gagtgccttg ttaagcctaa agaacaggtc agcaaattcg
 2640 gataaaaacg ccgaaaaaca ggcattagtg tctacccaaa gccaaaggggt gagctcgtg
 2700 ctgctgttaa gccaaacggc aacgcaggcg gcacaactag aactgcgcct tgcgcaggac
 2760

ES 2 400 276 T3

2820 ttaaccttaa gtgagcaaaa acatttaatc aaaccagtga cgctcggtagg tcgcgatatc
 2880 tatcaacata ttgtagatac gccgctgcct gcacttgccg ccatccaagg caaaatgcgc
 2940 cagttgcagc ctttagcctc acaggegaca caaactaagc ccgcagtggg cgcagcactt
 3000 gatatcacgg ctgaaaacgc cacaccatta gcagcagaga gcggtatgtc atctaacgca
 3060 ccacttcaat ttgagacaac agcateggcg caggatagcg cggcattggt gcaaaaccag
 3120 caactcgcgc gcgaggcgca cttagccttt ttacagagcc gtgagcaagg gctcaaactg
 3180 gcagatgcgt tgtaaaggc acaattatcc cagacgacac aaatgggtgc tgttgcagcc
 3240 catgttgcca ccagcgcaa tgtegetgaa acgaaggcgc agcaagcggg gtcaatccca
 3300 gaactcatgc ctaatcatgc gcctaatcat gcaagagtcc cgcctatac gccccatt
 3360 cctgccgcta agccctgcat ttggaactat caggatctgg tggaatacgc cgaaggcgac
 3420 attgccaaagg tctttggcgc cgattatgcc attatcgaca gctacgcacg gcgctgctgc
 3480 ctgccgact cggattatct gctggctctg cgggtaacga agctcaacgc gcaaatgaac
 3540 cgctatcaac cgagcagtat gaccacagaa tacgatattc ccgtggatgc gcccttcttg
 3600 gtcgatggcc aaattccttg ggcagtggcg gtcgaatcgg gccagtgcga tttaatgctg
 3660 atcagctact taggtatcga ttttgaaaac aagggcgagc gcgtctatcg tttgctcgac
 3720 tgcaccctca ccttccttg ggatctgccc cgcggcgggtg ataccctgcg ctacgatatc
 3780 tccatcaacc actttgcccg caatggcgat accctgctat tttcttctc ctacgaatgc
 3840 tttgtgggcg ataagetgat cctcaagatg gacggcggtt gcgcgggatt ctttaccgat
 3900 aaagaactgg ccgatggcaa aggggtgatt cgcaccgagg tcgaaattaa ggtgcgcgag
 3960 caagcacaaa ttgcactggc caatgaatat acccgaaacg gcaataagcc acgcttcacg
 4020 ccgctactta actgcgcgca aactgccttt agctacggcc aaatccatcg tctactgagc
 4080 gccgacattg gtggetggtt cggcggtgaa catgcggccc atcaagcaaa gtttggctc
 4140 cagccttcac tetgcttcgc ctcgaaaaa ttctgatga tcgagcaagt cagtaagctc
 4200 gaagtgcatt gggcgctg gggcttaggc ttgattgaag gtcacaagca attagcccc
 4260 gaccattggt atttcccctg ccatttcaag ggcgaccaag tgatggcagg ctccctcatg
 4320 gccgaagggt gtggccagtt actgcaattt tttatgctgc atattggtat gcatgctaàt
 4380 acacaagcag gtggcgttac taacggcctt ttccaacccc ttgaaaacgc atcgcaaaaa
 4440 gtgcgctgcc gcggtcaggt attgccacaa tctggcacc tcacctatcg catggaagtc
 4500 accgaaatcg gcatgagccc tcgcccctat gccaaaggcg atattgatat tctgctcaat
 4560 ggcaaagtgg tggtggattt ccaaaatctc ggggtgatga ttaaagaaga agcggattgc

ES 2 400 276 T3

4620 acccgctatt cgcaaagcca ttcttcacag ggtaatcata cgcaagcagc aaatatcgaa
 4680 agtctcgcgg aacaagcgcc gctaattggcg caaatcccag atgttgacgc tccgggtcaat
 4740 aaaggcgttg tgccgcttaa gcatgtgagc gcgcccattg cgccagcagg ctctaagtac
 4800 gccaacccgcg tgcccagacac cctgcccgttt actccttacc atttatttga gtttgccacc
 4860 ggcgatattg aaaactgctt cggccccgat tttagtattt accgtggctt aatcccgcg
 4920 cgtacgccct gtggcgatct gcaactcaact acccgagtgg tggctattga aggcaaactg
 4980 ggcgagctga aaaagccatc cacctgtatt gccgagtatg aagtgccagc caacgcgtgg
 5040 tattaccgta aaaccagcca cccgagtgta atgccctact ctgtgctgat ggaaatatca
 5100 ttgcagccaa atggctttat ctccgggtat atgggcacga ccttaggctt tccagggcag
 5160 gagttattct tccgcaatct cgacggcagt ggcaagtac tgcgcgaagt ggatttacgc
 5220 ggtaagacca tagtcaatga ttcgcgcctg ctgtctaccg tgattgctgg cagcaatata
 5280 attcaaaact ttagctttga gctgagctgc gatggcgagc ccttctaccg tggtaatgag
 5340 gttttcgggtt actttaaggc cgatgcgctt aaaaaccagt tgggtatcga caatggtaaa
 5400 attacccaag cgtggcacct tgagcgcggt atcaaagccg actgccaaat caatctgtta
 5460 gataaaaatg gccgcagttt cgtggcgcgg ctgggcaagc cactactacc cctagcgggt
 5520 ggcgagctga actttatcga caaggccgaa attgtaaaaa ctggcggtaa gaaggggctc
 5580 ggataactat acgccgagcg caccattgac ccgagcagat ggttcttcca gttccatttc
 5640 catcaggacc ctgtaatgcc aggctccctc ggtgtcagag cgattatcga attactgcaa
 5700 acctatgcca tagaccaaga cctaggcgca ggtttcaata atccgaaatt tggccaaatt
 5760 ctgtcagaaa ttaaatgaa gtatcgcggt caaattaatc cattaacaa acagatgtcg
 5820 ctggatgtgc atatcaccag cattgaagat aaagacggta aacgcatcat caagggcgat
 5880 gccaacctga gtaaggatgg cctgcgcatt tatgaggtga ccgatattgc catctgcatc
 5892 gaagaggcat ag

<210> SEC ID NO 40
 <211> LONGITUD: 1644
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*

<400> SECUENCIA: 40

60 atgacgaata ccacactcga taataacgct ctcgataata acaagctcag tccttgcccg
 120 tggcaggttg atgaagccgc catcagtttc gatatcgaat cccttggcaa aaaactcaaa
 180 gatctcaatc aagcctgtta cttaatcaac catgctgaga aaggcttagg catagcccaa

10

ES 2 400 276 T3

240 agcgcgcaag tggtcggtct tgcagaaccc aataatggtt tgcatacctgt aagcgccttc
 300 gccccgcgcc ttggcaccca gagcttgggt gacagtaatt ttcgcccgtt gcatgggggtg
 360 aaatacgctt actacgcggg egccatggcc aacggtatcg cctcggaaga gttagttatc
 420 gccttaggtc aggcgggcat tttgtgtctc tttggcgcgg cagggttaat tccgtcgcgc
 480 gtggaagccg cgattaaacg cattcaagcg gcattgccc atggtcacct cgcctttaac
 540 ttgatccata gcccgagcga gcaagcgtg gacgctggca gtgtcgaact ctctctaaa
 600 catcaagtgc gtacggttga ggccctggct ttcttgggct taacgcgcga aatcgcttat
 660 taccgcgccg caggcctgag tcgcgacgcc agcggcgaga ttgtgattgg caataaagtg
 720 attgctaaaa tcagccgtac tgaggtggct accaagttaa tggagcccgc ccccgtaag
 780 atactgcaac aattagtga cgaagggtt atcagcgaag atcaaatgct gatggcgcaa
 840 tctgtgcccc tggccgatga cattaccgcc gaagcagact caggcggcca caccgacaat
 900 cgccctctgg tcaagctatt gccaccatt ttggcgtca aagataccat tcaagccaag
 960 taccagtata aaacgccgat ccgagtgggc gcaggtgggg ggatcggcac ccccgatgcg
 1020 gcgctggcga ccttcaatat gggcgcggcc tatattgtca ccggtcaat caaccaagcc
 1080 tgcgtggaag cgggtgccag cgaacatacc cgtaagttac tcgccaccac tgaatggcc
 1140 gatgtgacta tggcgcggcg cccgatatg tttgaaatgg gcgttaagtt acaagtgggt
 1200 aagcgcggca ccctattccc gatgcgcgcc aataagctct acgagattta caccgcctac
 1260 gactcgatag aggcgattcc agcagaggaa aggcaaaagc tggaaagaca agtatttcgc
 1320 gcctcattag atgagatttg ggcaggtact gtggcgcact ttaatgagcg cgatcctaag
 1380 caaattgagc gcgcgctgga taaccctaaa cgcaaaatgg cactgatttt ccgctgggat
 1440 ttaggtttat cgagccgctg gtcaaacact ggtgaagtcg gccgcgaaat ggattaccag
 1500 atttgggcag gccccgcctt cggcgccttt aatgcttggg ctaaaggcag ttatttagat
 1560 gattaccgcg agcgcgatgc ggtcgcactg gcgaaacatt taatgcaagg cgcgcctac
 1620 caagcacgga ttaacctggt gttatcccaa ggggtaagta ttccagtcag cctgcaacgt
 1644 tggaaacctc tgcaacgctg ctaa

<210> SEC ID NO 41
 <211> LONGITUD: 8316
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Colwellia psychrerythraea*

<400> SECUENCIA: 41

10 60 atggctaaaa agcaaagcac atctaataac cctgtaacga atgaagcaga cgaaaaagcg

ES 2 400 276 T3

120 ttttaattctc gtcttcaaga atgtectatt gccattggtg gcatggcgtc tatctttgct
 gatgcaaaga acttagaaaa ctactgggac aacatttttg aatcagtcga tgcaattaaa
 180 gatgtacceca gtgateggtg ggcaaaggat gattattact cgagcgatcc aaaagaggct
 240 gataaaacct attgtaaacg tgggtggttc ttaccagaaa tagacttcga cccaatggaa
 300 tttggtttgc caccaaacat tttagagtta actgatatcg ctcagttatt gtctttagta
 360 gttgcacgtg aagtattaaa cgatgcaggt attggtgatg ggtctggtta cgatcgtgac
 420 aaagttggtta ttacgttagg tgtaggtggt ggacagaaac aaatttcgcc attaacgtct
 480 cgcttgcaag gcccagtatt agagaaagta ttaaaagcgt caggtgttga agaagctgat
 540 cgcgccatga tcattgaaaa gttcaaaaag gcctatatcg gttgggaaga aaactcattc
 600 ccaggcatgt taggcaatgt ttttctggt cgtattgcta accgttttga ttttggtggt
 660 actaactgtg ttgttgatgc ggcttggtca ggttctttag cggcgattaa gctagctatc
 720 tcagacttac ttgagcacag atctgaagta atgatctctg gtggtgtttg ttgtgacaat
 780 tcaccattta tgtatatgtc attttcaaaa actcctgctt ttacaacagg tgaagacatc
 840 cgcccatttg ataatgattc aaaaggtatg atgattggtg aaggcatcgg tatgatggct
 900 ttcaagcgtt tgaagatgc tgaacgtgat ggtgataaag tttacgccgt acttaaaggt
 960 attggtactt caagcgatgg tcgctttaag tcgatttacg caccacgccc agatggtcaa
 1020 gctaaagcgt taaaacgtgc ttatgaagat gcagggtttg atccaaaaag ctgtggcatg
 1080 attgaagcgc atggtacggg cacgaaagcg ggtgacgcag cagaatttgg cggcttagtt
 1140 aaacacttct cacaagataa tgatcaaaaa caacatatcg ccttaggctc tgtaagtct
 1200 caaattggtc acgctaaagc ggccgctggc gcagcaggta tgataaaagc ggtattagcg
 1260 cttcatcata aagtgctacc agcaacacta catatcgacc aacctaatac ctcgttagac
 1320 attgaaaaca gtccaatgta tttaaacagc gaaacacgtc cttggatggc acgtgaagat
 1380 ggtttaccac gccgcgcagg tatcagttcg tttggttttg gtggtactaa ctaccacatg
 1440 gtattagaag aatactcgcc aaaagcacia ggccagtatc gcttaaatgc agtgccacaa
 1500 aactgttag ttacagcggc taacgaaaaa gcattagtga gttcattaac agattggaaa
 1560 aataaattaa gtgtaaaagc agatgatcaa ccatacgctt ttaacgcctt agttgttgaa
 1620 aacacgttaa caacaccagc ggttgcteta gcccgtgtg gttttgttgc aaaaaatgct
 1680 gatgaagcaa tcaaaatgat tgaaggtgct ttgacgcaat tccaagccaa atcaggtggt
 1740 gacattcctt gtgaagagtg gtcagtacca acgggtatth attacgtaa gtctggcttg
 1800 tcagtgagcg gaaaggttgt cgctctcttt tcaggtcaag gtcacaata cgtaatatg
 1860

ES 2 400 276 T3

1920 ggccgcgagc ttgcttgtaa ctteccaagc gtaatgcaag ctgctgcaga tatggacagt
 1980 gagtttacac aagcaggttt aggtcaatta accccgacaa cgtatccaat tctgtatatt
 2040 aatgatgatg cacgtaaagc acaagatgaa gctttacggt taactcaaca cgcacaacct
 2100 gcaattggta ccttaagtgt tggctctatat aaagcgttta ctaatgctgg tttcaaagcc
 2160 gactttactg cgggacatag ctttggtgaa ttaaccgcgc tttgggctgc aggcgtagta
 2220 agtgatagtg actatatgat gttagcaagt agtcgtggtc aagcaatggc agcacctaca
 2280 ggtgaggctg cgataggatt tgatgcgggc actatgattg cggttggttg aagtccaact
 2340 gatattgcta atgatattaa agacatcaaa gatatctcta ttgcaaaacta caactctaat
 2400 aaccaagtag ttggtgcggg tgtaagcaact caaatagcaa tcgctatcga tgagttaaaa
 2460 ggcaaaggtt ataaagttgt accattaccc gtttctgccg cgttccatac gccacttggt
 2520 ggccacgctc aaaaaccatt tagcgatgct attgataatg ctaaatttaa taagccgctt
 2580 gtacctgttt attcaaattg cacagccaaa gcgcattcaa ataaagcggc tgatattaa
 2640 aagtcactga aaaatcatat tttagaatca gtacacttta acgaagaat tgacaacatt
 2700 tacgctgatg gcggacgagt atttggtgaa tttggcccta aaaatgtatt aaccaaactt
 2760 gttgaaaata tcttaaaaga taaagaagac gttgtagcta tagcgggtaa tgctaatcca
 2820 aagaaatcgg ccgatatgca aatgcgtcaa gcggcagtgc aaatggcggg acttggttta
 2880 gagttaacag aaattgacct gtattcagcg gttaaacgtc cattatctgc acctaaaatg
 2940 tcaccactag cgatgaagct aactggcgca tcttatgtga gtcctaaaac taaaaggca
 3000 tttgatgatg cactaaatga cggttggaca attaaacaag caacgctcagt tctgtttgct
 3060 gtgcctgagc cacaagtggg tgaaaaaatt gttgagaaga tcggtgaagt agagcgcatt
 3120 gtagaagttg agagaattgt ttacctgact gcagacggga aagtcttcga tggtagtgtc
 3180 gcagatggaa ctggttgctaa tggtaagca gctaacagtg ttgcagtaa cgtaaacct
 3240 gcggatatag caaatagtat tgaacgtagc gttagtcagt ttggtgatca ccaacaacag
 3300 ttattaaacg tacatgagca atatatgcaa ggtccaaaag actatgcaa aacgtttgat
 3360 acggtcctat ctaaccaaga agcaggcgag ttacctgaaa gcctagaccg tacgttaggt
 3420 atgtatcatg acttccaatc agaaacattg cgtgttcatg agcaatattt gaataacca
 3480 actgataata tggcaacgat gttgtctgct tctgaaagta atacagaggt gagttctaac
 3540 atagttaaaa catcaccaat cgcgactcaa gcacctgta ttaaaagtgt agtgacacaa
 3600 gcgcctgttg ttaaaccaac aatttcagtg gcacctgcaa cacaacggt acctgccgcc
 3660 gtatctctc cagtagtata tgctccagta gtaaagcgc ccgcacaatc agtagcaaca

ES 2 400 276 T3

3720 gccgttgcga tggcgccggt agctgaagtt tctattgctg ttcctgttca ggaatcatca
 3780 cttgaccttg aacgcattca aacagtgatg atggaagtag ttgctgagaa gaccggttat
 3840 ccaacagaaa tgtagaact tgaatggat atggaagctg atttaggtat tgattcaatc
 3900 aagcgagttg agattttagg ctcaagtaca gaaattattg ctgatttacc agagcttaac
 3960 cctgaagact tagctgaatt acgtacctta ggcgaaatcg ttgactacat gaagtcgaaa
 4020 gcacaagctg cggtcctag tgcgtcagcg aatgacagtg caccagcact acatttagtc
 4080 gatagctcag ttgtgccaaag catcgattta caacacatcc agaatgtgat gatggaagtg
 4140 gttgctgaga agaccggtta cccaaccgaa atgcttgagc ttgaaatgga catggaagct
 4200 gacttaggta ttgattcaat aaaacgtggt gaaatcttag gttcagtaca agaaatcatt
 4260 aacgatttac cagagcttaa cctgaagat ttagctgaac tgcgcacctt aggtgaaatc
 4320 gttactaca tgcaatctaa agtatcagcg gctcctgtag cgagtgcacc agttaatagc
 4380 actgtaagca gcacgectgc aatcgattta attcacatcc aaaatgtgat gatggaagtg
 4440 gttgcagaaa aaactggcta cccaactgaa atgcttgagc ttgaaatgga catggaagct
 4500 gacttgggaa ttgactcaat caaacgtggt gaaatactgg gtgctgttca ggaaactatc
 4560 cctgatttac cagagcttaa cccagaagat ttagctgagt tacgtacatt aggtgaaatc
 4620 gtaagttaca tgcaaagtaa agtatcagta gcgcctgcag cagttgcagc aattgtgcca
 4680 aatgcgacag ctaatgcaag tgctcctgca attgacttag attacattca gacggttatg
 4740 atgacagtag tagcggagaa aactggctac ccgactgaaa tgcttgaact tgaatggac
 4800 atggaagctg atcttggtat cgactcaatc aaacgtggtg aaatacttgg tgctgttcag
 4860 gaaactatcc ctgacttacc agagcttaac ccagaagatt tagctgagtt acgtacctta
 4920 ggcgaaatcg taagttacat gcaaagtaaa gtatctgtag cgccaatagc agttgttgat
 4980 aatgctcaag ctgcgtcagc cattgtgcca actaaggtaa gcagcgctcc tgcaatagat
 5040 ttagattaca ttcaatccgt aatgatgaca gtagtggcgg agaaaactgg ctaccaact
 5100 gaaatgcttg agttagccat ggatatggaa gcagacttag gtattgactc aatcaaacgc
 5160 gttgaaattt taggtgctgt tcaggaaacc atccctgact taccagagct taaccagaa
 5220 gatttagctg agttacgtac cttagtgaa atcgtaagtt atatgcaatc taaggtaaca
 5280 cccgttgcag atgttactgc tgaacaagt acgctagcga atgaaagcgc tccagcaatt
 5340 gacttagatt acatccaatc tgtaatgatg acagtagtgg cagagaaaac tggctacca
 5400 actgaaatgc ttgagcttgc catggatag gaagcagact taggtatcga ctcaatcaaa
 5460 cgtgttgaaa ttctcggtgc tgttcaggaa actattcctg acttaccaga gcttaatcca

ES 2 400 276 T3

5520 gaagatttag ctgagttacg taccttaggt gaaatcgtaa gttacatgca aagtaaagta
 5580 tcgccaacgg atccgactga ccctaaagga acaggtgta aaaccactgt ccctgctgct
 5640 gttcttgcaa atggtaggtc agtagaaaca gcggttaact ttcaaggcgc acctagtgca
 5700 actggtgaac taacagcatt atcttcagtg aacaaaattg ttcaagatgt tactggtgaa
 5760 ggcaaacaat caggcgctaa cgcgttagtt gttgatgatg gcagtggcgc agccgtggcg
 5820 ttaagtgctc aactgatcaa agcaggttg caagttacgg cattaaaacc taattgggtg
 5880 gtcagccatt cgaaaaaagc gtttgctaca gcagtaaagtg ttggtgaaat tggactcat
 5940 gataaaacac ttgatgaagc tcaagtaaaa gacatcattg agaaaacagc acaattagac
 6000 gcagttatth acttacaagc agcaaatact gttgatgcta tcgaatacc agaagcggca
 6060 aaacaaggct taatgtagc cttcgtatta gctaagttgt cgaatgtaa gttagcgact
 6120 aatgcacgtg cttcttttgt tgtggtaact cgccaagggtg gcgcttagg cttttcta
 6180 ggtgatgctg atagtgttac gcaacaagtt aaagccaatg tgaaagccga cttagtcaa
 6240 gcaggttag cgggcttagt taaaaccatc aaccatgaat ggaacgctgg cgaaggcagt
 6300 gttttctgct gaattatcga tttatcaagt aaattagcag cagataaagc agcaactatc
 6360 atcaatgatg agttacttga tattgacggc agtattgttg aagtagcaca tgataccgat
 6420 aacctgagta ataacattgg ctcacgtcta acgctatctg gtgtggttac cgatagttat
 6480 gcaactaacac caattgctaa aggggtcaaac acagcaatta acagtgactc ggtatthttg
 6540 gtaagcgggtg gcgcaaaggg gggttacagca cattgcgcta tcgaaattgc caaacagtac
 6600 caagctaagt ttatthtatt aggtcgttca tcctttgatg acaacgagcc aagctgggca
 6660 caaggcatta gtgatgaagt tgctthgaaa aaagcagcga tgcaagcatt gattgcaagc
 6720 ggcgaaaaac caacaccagt taaagtgact cagthttgtac gtccgttatt agctaactgt
 6780 gaaattgcgc aaaccttagc ggcaattaaa gcggcaggcg ggcaagcaca ttacgctgct
 6840 gccgacgtga cgaatagtgt aagtgttagc gctgcggttc agctthtact aaaaacctta
 6900 ggtcaaggth ccttacaagt tacgggcac atcatggtg cgggtgtctt agcggacaag
 6960 thtattgagc aaaaaacgct tgaagaatth aacgcggtat acacaacgaa aatagatggt
 7020 thtattgtctt tattagcagc aaccaatgcc gaaaatatta aacacttagt gthattthca
 7080 tcagcggctg gththtatgg taaccagggt caatctgatt actccatcgc taatgatatt
 7140 thaaataaaa cggttaccg ththaaagca thaaatcaa gtgtcaagt actaagcttc
 7200 aactggggac cthgggatgg tggcatggta acaccagagc thaaacgtat gththaacgac
 7260 cgtggtgtht atattatthc actthgatgca ggcgctaaat thtggtaag tgaactcgt

ES 2 400 276 T3

7320 gcagatacta accgttgtgc acaaatcctt gttggtaatg atttgtcgaa ggatacagct
 7380 aaggatgcat ctgtaaaaaa gccacaagtt agtcgcttaa ctagccgtgt taataaaaca
 7440 ctttttagcga ctaacaatac ctttttagct gaccacacca ttgggtgatga caaagtatta
 7500 ccaaccgtgt gcgcatagc atggatgagt gaagccgcaa tggttgctta cccagcattt
 7560 cattatcaag gactagcaaa ctataagttg tttaaagga tcatctttga tggcagtga
 7620 gcaacagaat attcaatcga tatgattgct caagttgagg gtgaaagctt agtagtagac
 7680 actaaaattt caagtactaa tgagcagggg aaaccagtat ttcattatgg cgctcagctg
 7740 acattagtcg ctaaagcggg aagaaaagaa gcgccaacgg ttgaacttat attacctgaa
 7800 gctttaccag aattacttcc ggaaacagta ctttcgagca ctgaagaagc aggcgcttta
 7860 tatactaatag gtactttatt ccacggtgaa agcctgcaag gaattaaggc aatacttgcg
 7920 tgtaatgagc aaggtctatt attgaaatgc caagtaccag cagtggcaag tcttaagcaa
 7980 ggcgagttcc cgattagccc gttgaaatag gcaagcgaac actcgaacat tttgccaat
 8040 gatatcgctt atcaagccat gttagtttgg gctaaaaagc aattaggttt aggtagctta
 8100 ccgtcaagta cgcaaagttg gacgggtatac cgtgacgtca gtcttggtga aaacttctac
 8160 cttaaattaa cggtagtgaa aagctcaggg aaaggaaagc aacgtggctt tttagtggt
 8220 gacattgaaa tgattgatga aaacaatcga ttactcagtg agataaaatc tgccaaagtg
 8280 acggctagtg ctaacttaaa tgacttatcc ctacctaaaa aggcaccgaa aactacaccg
 8316 aaagctaagc aaagtgaaag tgaggcaagt gcgtaa

<210> SEC ID NO 42
 <211> LONGITUD: 2703
 5 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Colwellia psychrerythraea*

<400> SECUENCIA: 42

60 atggttaaca atcattataa aacggccatt attggtttag atgctcagtt tgaaaatgaa
 120 cagagcgctc aaaccgatat tgatcggggt gaacgtgcgc tatacctcgg caaactttca
 180 gggaatatct caggtaagag cctagatcaa gctgaaatat cagacaagga aaatacaaca
 240 ctcaagctaa gctgttcagc aacggttgag cgtatggcac ttgctaatca agtcagtagc
 300 gctgatatac aagttgttgt gctaatacac gacagtgaaa atatagtcac tgatattgaa
 360 aatgttattg ttgttacttc gttagctagc gcactacaac aaatagatac gttgattgag
 420 caaaatttct tggtagcctt gcttggtatt aatttactta gtttaagcga taagcaaaat
 480 ggcagtgatg tttgccaaga gctggcgacc atctcatatg atcaaaactt tagcgcttat

ES 2 400 276 T3

540 caagcgtgtc gcggtattgc tgcattatta tttgcacctg caacgtttgc acaaactcat
 cactgttatg tctattecgc gataaaaggt tttgccacgg ggagcgatat aactagtgtt
 600 actgctgcag cgttagataa agcgcaagtc aatgcaacag atattgggtt gcttgaagtt
 660 tctgcgttat caaataaaga tgcttcgctt gctgaaacaa aaggtttatt gagccattat
 720 ttaatagatg gtgccaataa agcagtaatg agtgaagatg ccaatgaagc attaaatacg
 780 gctatctctt gtgcacgtag tgttaccgga gaaggggctg gcttttctga agtggttaggt
 840 ttgttacgta ccgttattgc actgcaacaa cgttatattc ctgccattac tgattggcaa
 900 caaccacaag ccagtgaact tgaaaaatgg caaagctcaa gctgttactt tccaacagag
 960 gctcgtccat ggtatccaca gcctaattgt aatgccactt ttggcgcgta cagttgttta
 1020 accgtttcag acaataatca tgattattgt catattatcc tgcaagaaga gcaggttggt
 1080 cttattgatg gtaaaccatgc tgcaagcgat attcgcagta atgggtttat tgctgtagt
 1140 gatttacagc tagtattaat tggcgcagag gatttaccta atttattaac tcagttaatt
 1200 gatcttgaag atgagcttga agctactttt aaaggttaacc ttgaagagaa ggctgaacag
 1260 agtagaacat cacttaaaga tattgcttta acgcgttttg aacagtctaa aggcaatagc
 1320 agtcgttata cgattgcctt attgtctgaa tcgatagaag aactaagcaa agaaataaaa
 1380 ctcgctaaag ccggtgttcc tgcagcattt tctgatgta attctgataa gaataatcag
 1440 caagaatggc gaacgcaaaa aggcaagctat tttagtgcta gccctgttaa taatagtga
 1500 tcagcgacta ataatgtttc atttttatat ccgggcattg gtgcaacgta tgcggttta
 1560 ggacgtgatt tattccacct ttttctgaa atacaccaag atgttgctaa cttagccgac
 1620 gatattggcg caagtttaaa agataaatta ttaaaccccc ggtccataat tcgtcctgat
 1680 tttaaagcat taaaacagct tgatttaaac ctccgtggtg agttggctga tattgcagaa
 1740 gcaggcgttg gttttgcgtg tgtattcact aaagtattg aaaacgtctt taaggtaaag
 1800 gcagactttg ctacaggtta cagcatgggt gaagtcagta tgtacgctgc attgggtgca
 1860 tggcaacaac caggattgat gagcgcacgt ttagctaatt cagatacctt caatcaacgt
 1920 ttatgtggtg acttgctaac tttacgtgag cattgggggc ttctagttc gacaagtagt
 1980 cctactaata gccctagcaa tgaccaagct gaaagtctag atgagttgat ttgggaaacc
 2040 tacaccatta aagcaacggt agatgaagtt atcgctgcca gtgaagatga agaacgtggt
 2100 tattgcacca tagttaatac gccagacagt ttattattag gtggttatcc agccgattgt
 2160 ctacgcgtta ttaaaaaact tgggtgtacgt gctatgccac ttaacatggc aatgcaatt
 2220 cacagtgcac cagcaaaaat tgaatatgac gacatggtg aactttatac catggacggt
 2280

ES 2 400 276 T3

2340 actgcgcgct taaaaactaa aatgtattca agctcttggt acttaccggt accacaaatg
 2400 agcaaagcga ttgctcacag tgttgctaag tgtttatgcg accgagtaga tttccccggt
 2460 ttaattaaca ccatgcacga taaaggtgcg cgggtattta ttgaaatggg accagggcgc
 2520 tcgttgtgca gctgggtaga taaaatttta gatthttgacg atagcagtaa aaatggcctc
 2580 tctaataaag aacctaatac agttgctcat aaagcacgag tatcagtgcc agtgaatgca
 2640 aagggcacia gtgacgagtt aacgtatgtg agagccgttg caaaattggt tagtcacggg
 2700 gtgaaactag atcttcaccg cttatttaat ggctcaatta ttgtgaaaaa gccacaagct
 2703 taa

<210> SEC ID NO 43

<211> LONGITUD: 6051

5 <212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Colwellia psychrerythraea*

<400> SECUENCIA: 43

60 atggaaaata ttgccgtagt aggtattgct aattttattcc caggatcttc tgcaccagaa
 120 gaattttggc agcaattgct gaagaaacag gattgtcgca gtaaagcaac caaagaacaa
 180 atgggtgttg accctgaaaa atacaccgga aaaaaaggcg acacagataa attttactgt
 240 gtgcacggtg gttatattcg agatttcaat tttgatgcaa catcatttat tcagaacact
 300 gctggtttaa ccgcaccgct gagtgaagag tacctaaatc aactagatga tctaataaag
 360 tgggctttgt atgttaccba acaagcatta accgacgcag gttattgggg cagtgataag
 420 cttgagcaat gtggcgttat tttagaaac ttatcgtttc caaccaagtc gtctaatac
 480 ttatttatgc cgttgatca ccaagttgtc gataacgcat taaaagccgg tatcgataaa
 540 gattttcagt taagtcattt ttctgatact gatatttcga ccaataatat tcatgcagat
 600 aatgcgcggtg ttgcgggtta ccctgcggcg cttttagcga aagetgcggg tcttggtggt
 660 acacactttg cgcttgacgc agcctgtgca tcaagctggt attcggtaaa attggccttg
 720 gattacttgc atactggtaa agctgacatg atgctagcag gtgcgggtatc aggctctgat
 780 cctatgtttg ttaatatggg gttctcaatc tttcaagcct acccagctaa caatattcat
 840 gccccgtttg ataaaaactc tcaaggctta tttgccggtg aagggtgcagg catgatggta
 900 ttaaaaacgc atagtgatgc ggtacgtgac ggtgataaaa ttcattcgat tatcaaaggt
 960 ggtgctttat caaatgacgg taaaggtgaa tttgttctta gcccaaatac taaagggcaa
 1020 gtgcttgttt atgaacgtgc ctatgaagat gcagcgggtg acccagctga ttagattac
 1080 attgaatgct atgctactgg cacacaaaaa ggcgataacg tagaacttgg ctctatggat

ES 2 400 276 T3

1140 accttcttca gccgtttccc aagagaaaat ggcaataagc ctttgcttgg ctcagtcaaa
 1200 tctaacttag gtcacttact taccgcggca ggtatgccgg gtatgactaa agcgatttgg
 1260 gcacttaatg aagcaaaaat ccccgcaacc attaaactta acgagccatt aagctctaaa
 1320 aaaggttatt taggcggcgc acaaatgcc aacagatacta tcgattggcc agttcctgct
 1380 aacagtgcaa acaagccaag aaccgctggg gtcagtgtat ttggttttgg tggctctaata
 1440 gctcatttag ttttacaaca acccacacag caacttgagc ctattacggg aaaagccaaa
 1500 ccacgtgagc cgctcgccat tattgggatg gatgctcatt ttgggtgggc tgaagatctt
 1560 gctagtttta aaacacttat cgaaactaat gataatactt tcagagaatt accgacgaat
 1620 cgttggaaag gcattgataa cgatactgat gtgatgaatg ccttgacgct tagtaaagca
 1680 cctcagggcg gctatgttga aaactttgat attgattttt tacgtttcaa agtgccacct
 1740 aacgagcaag actgtttaat tccccagcaa ctgatgatga tgaaagttgc tgataatgca
 1800 gcgaaagatg caggacttaa agaaggtagc aacgttgcgg tacttgtagc tatgggtatc
 1860 gaactcgagc tgcatacaata ccgaggtcgc gtttaactta gcacacaaat tgaagaaagt
 1920 ttattacagc aaggcgttac gcttaactca gagcaacgtg aaacattaac caatategct
 1980 aaaaatggcg ttgctcacgc ggcgacgctt aatcaatata cctcgtttat tggtaatatt
 2040 atggcgtcac gtatttcagc attatgggat tttaccggtc ctgcgataac gctttctgcy
 2100 gaagaaaact cagtttatcg ttgcgtagaa ttggctgaga acttattcca aacatcagac
 2160 attgatgccg tgattatagc ctgcggtgat ttagctggct cagtagaaaa tattacctta
 2220 agacaacact tcggctcggg agaaaagggg caggtagaaa caggctcagt ctcaacaaat
 2280 tctgcaacct cagcaaatgt ccttgaacaa aatacatggc gagtaggtga aggggcaggt
 2340 gcgtttgctg ttaaaccctt gtctaaagtc atccaagttg cagagcaaag tatttacgcc
 2400 accatagacg gtattagttt tgccaatggg aaagatgctg cggccatcac taaggccgca
 2460 agcgcttcac tgaacattgc agggcttaac agcgcagata ttacgagtgt tgaagcacat
 2520 gccagtgggt ttagtgctga aaatatagca gaagctcaag cactaccagc attgtatgca
 2580 ggcaaagtga ttagcagtgt taaaagcaat attggtcata cgtttaatgc cagtgggtgt
 2640 gccagtatta ttaaaccagc actcttgta gatgataaag tgttgaatga agagcgctta
 2700 acctctcatg tcgcgtctca tatagccgtg aatggcttag gtaaagatga aagctgtgcy
 2760 caccttattt tgtcatcgag caagctagcc catcaagcag cgcctcctcc aacaggcaaa
 2820 caacgtecta aactaattaa aaatattagt ttaggtggca aggccatttt tcagacatc
 2880 attgctaacy ttaaagcacc ggcaatgacg gcgattaagc aagcttttac taagcaacct

ES 2 400 276 T3

2940 ttacgtcagg ttaaacaggc ggtaaatgtc atgaacatta aacctaagct aactgaagca
 aaagtagctg aagttaagtt atcecaagct gctcagccaa ctaatttatac tagtcaagct
 3000 cacacacgat caacggctgt taccggagta aaagtgaaga aagttactaa tactgctatt
 3060 gcaaataacc aaagcaagag gcaagtacct gcagatgta aacatcaagc aagtaaagaa
 3120 atttccaag aatcagctac acatcaagcc tttttaaata ctgcctaaat ggcaggctcag
 3180 cagatttcga aattgattga aatgcaagct aatgctcagt cagggttgcc gacttatggt
 3240 tcaacaacaa ggcagctga gccggtaaat gaacgctcagc atgcacctga gctttcgggt
 3300 gtttcttcaa atgtacaagc ggaaaaccag cagtgggcaa atgaatctgg ttttaaaatc
 3360 aaaggcccag caggatacag ctaccacca ttacaacttg aagagcgtt taataaacc
 3420 gaagaaatta tttgggatac tgccgattta gttgaatttg ctgaagtgta tatcgcgaaa
 3480 gtttttggtg atgagttta aatcatcgac agttattcac gtcgtgtacg tttaccgacc
 3540 acagattatt tattagtttc acgtgttacc gagcttgaag ctacggtaaa tgaatataaa
 3600 aatcataca tgtgcaactga gtatgatatt cccgttgatg cgccttctt tatcogatggt
 3660 caaatctctt ggtcagctac ggttgaatca ggacaatgtg atttattatt aatttcttat
 3720 attggtattg atttcaagc caaaggcgaa cgtgtttatc gtttacttga ttgtgaatta
 3780 accttcttag aagaaatggc ctttgggtgt gaaacactgc gttatgaaat tcatatcgac
 3840 tcatatgcac gaaacggcga gcaattatta ttcttcttcc actacgattg ttatggtggt
 3900 gataaaaaag tattaatcat gcgtaatggt tgtgctggtt tcttcaactga tgaagaactt
 3960 gctgatggca aaggcgttat cttaaagat aaagataaag cagaattagc taatgctggt
 4020 aaaagtgatt ttgcaccatt aataactaat attgatgcag cgaacaagc caaacagcat
 4080 ttcgattacg ttgacatgat gaaattggtt gatggtgatg ttgcaggttg ttttggtgaa
 4140 gaatataacc aacaaggtcg taatccgtca ttaaagttct cgtctaagaa atttctaatg
 4200 atagagcgca ttactaagat tgatgcaaaa ggcggctcatt ggggcttagg cttagtagaa
 4260 ggtcaaaaag acttagacc acagcattgg tatttccat gtcactttaa aggtgaccaa
 4320 gtgatggccg gctcattaat gagtgaaggt tgtggtcaaa tggcgatggt cttaatgctt
 4380 aaattaggea tgcacgctaa tgtaaataac gcaacgcttc agcctatgcc aggtgagctg
 4440 caaaccttac gttgtcgtgg ccaagtactt ccgcagcaca atacgttaac gtatcgcctg
 4500 gaagtaaccg caatgggcat gactccttac ccattcttaa aagcgaatat cgaattatt
 4560 cttgatggta aagcgggtgt tgattttaa aacttatcag tgatgatcac tgaacaagat
 4620 gataactcgc catatccggt aactttacct gacaatgttc agcttcaaca aagcaagggtg
 4680

ES 2 400 276 T3

4740 caaccagtaa caaatgccga agttaaaggt gcagacacca atcttgaact agatgaacgt
 4800 ggtgtagcgc catttaaaca cctgaacgt gctttaatga aagtgtgtc tgatttgatc
 4860 gcgcaaaaag agaagggcgt aacaccaatt caacattttg aagcgccaat ggtagctggt
 4920 caaaaccgcg tacctaacca agcaccgttt acaccttggc atatgtttga atttgctacc
 4980 ggtaatatct ctaaagtgtt tggctctgat tttgacgtgt ataaaggtcg tattcctcca
 5040 cgtacaccct gtggtgattt acaagtcgta acacaagttg tcgaagtgca aggtgagcgt
 5100 ttagatctta aaaagacttc tagctgtatc gcagaatact atgtgccgag tgatgcatgg
 5160 tatttacta aaaacagcgt taataactgg atgccttatt cattaatcat ggaaattgcc
 5220 ttacaaccga atggctttat ttcaggttac atgggcacca cacttaaata cccagaaaa
 5280 gatttattct tccgcaacct tgatggcagc ggtgacttaa tcaaacaggt agatttacgt
 5340 gataaaacca ttgttaataa atcggatta ttaagcacta ccatggctgg cggtatgata
 5400 gtacaaaagct tcacttttga gctgtatgtg aaaaatgaaa gtgctgtgc tcagtcatta
 5460 gaaagtcatg acttgttcta caaaggtacg gccgttttg gttactttgg tgcagatgcc
 5520 ttaacgaacc aattaggtat tgataacggt aaagtaacgc acccttggtt tgttgataac
 5580 aatactccta aatcagacat taaggtgatc gatcttagta attcctaact gcctttatac
 5640 caagcgccat cgaacaaaacc gcattacaaa ttagcgggtg gtcaaatgaa ctttattgat
 5700 accgtttcaa tcgttgaagg cggcggtaaa gcgagtattg cttatgtaca cggcgaacga
 5760 actattgatg caacagactg gttcttccgt taccacttcc accaagatcc ggtaatgcct
 5820 ggctcattgg gtggtgaagc ggttatcgaa ttaatgcaaa cctacgcatt agaaaatgat
 5880 ttaggtaagc aatttactaa cccaagattt attgcaccgg caaccctagt taaatggaaa
 5940 tatcgtggtc aaattacgcc attaaacaaa cagatgtctc ttgatgtgca tattacagac
 6000 atcattaaag aagacggtga agtgagatta gtcggcgatg ctaacttatc gaaagatggc
 6051 ttacgtatat acgaagtaaa agatattgtc ctgtcgttg ttgaagcata a

<210> SEC ID NO 44

<211> LONGITUD: 1599

5 <212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Colwellia psychrerythraea*

<400> SECUENCIA: 44

60 atgtcaaat taagttatag caatgccaat ccaattgatt gggcatggaa agttgatagc
 120 agcgtgtta aagccaatga ttagaataa aagtcagcgt taatggattt acaaagccg
 180 gtttatgtcg caaatctgc taatagtttt ggtgtagtaa acgctactgc agctaccggt

10

ES 2 400 276 T3

240 gatacggatg ttgtegcttt tgctcaaaaag ctaactccgc aagatttagg tgatgatgct
 300 tataaaaagc agcatggcgt taaatacgc t tcatggcg gcgctatggc taatggcatt
 360 gcctcagttg agctcgttgt cgcttttaggc aaagccggtt ttttatgttc attcggcget
 420 gctggattag taccagatgc t gttgaagat gcgattaaac gtatccaagc agaattacct
 480 aatggtcctt atgcggtaaa t ttaatacat gcaccagcgg aagaagcatt agagcgtggc
 540 gctgttgaac gctttttaa gcttggcggtt aaaacagtag aagcttcagc ttatttaggg
 600 ttaaccgaac atatcgtttg gtatcgttta gcgggtttat ctaaaaatag cgatggcagc
 660 gtaaagatcg gcaataaagt tattgcaaag gtatcgcgaa ctgaagtgg tcgtcgcttt
 720 atggagcctg cgccacaaaa actaattgat aagctactgg ctcaaggtaa agtcacccaa
 780 gagcaagctg agctttcaaa gcttgtacct atggctgatg atataaccgc tgaagcagac
 840 tctgggtggc ataccgataa togaccttc ttaaccttat tgccgacgat tatagcgctt
 900 cgtgatgaag ttcaagcaca gtacaacttc tctccagcgc tacgtgttgg tgctgggtgg
 960 ggtattggta ccctgaagc tgcattagct gcctttaata tgggctcagc ttatattggt
 1020 ttaggctcgg taaaccaagc atgtgttgaa gctggcgctt ctgaatacac tcgtaagtta
 1080 ctggctcagg ttgaaatggc cgatgttact atggcaccag cggcagatat gtttgaaatg
 1140 ggcgtgaagt tgcaagttgt taagcgtgg tcaatgttcg ctatgcgcgc gaagaaactt
 1200 tacgagctgt acattaacta tgactcaatt gaagctattc cagccgacga acgtcttaag
 1260 attgaaaagc agatatttcg ctctaactct gatgatgttt gggcaggtac tgaagccttt
 1320 ttcactgaac gtgatcctga aatgttggcg cgagcacaat ctagccctaa acgtaaaatg
 1380 gcgctaattt tccgttggta tttaggatta agctctcgct ggtcaaatac cggcgagaaa
 1440 ggccgtgaaa tggattatca aatttgggca ggcccaagtc ttggcgcatt taacagctgg
 1500 gtaaaaggca cttacttaga agattatact cgccgtggcg ccgtagacgt tgctttgcat
 1560 atgttaaaag gtgcagccta cttacaacga gttaatcagc taaaactaca aggtgttagc
 1599 ttaagcactg aactggctgg ctatcgtagc gaagattag

REIVINDICACIONES

1. Un polinucleótido aislado que comprende una secuencia seleccionada de:
- 5 (a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C, codificando el polinucleótido para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa;
- (b) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y
- (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa y que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7.
- 10 2. El polinucleótido aislado de acuerdo con la reivindicación 1, que se define además como operativamente unido con un promotor heterólogo.
3. Un constructo de ADN que comprende un promotor heterólogo operativamente unido con un polinucleótido que comprende una secuencia seleccionada de:
- 15 (a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C, codificando el polinucleótido para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa;
- (b) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y
- 20 (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa y que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7.
4. El constructo de ADN de acuerdo con la reivindicación 3, en el que
- (i) el promotor es funcional en una célula procarionta; o
- (ii) el promotor es funcional en una célula eucariota, preferentemente el promotor es funcional en una célula vegetal, lo más preferentemente el promotor es un promotor potenciado en semillas.
- 25 5. Una célula huésped que comprende una molécula de ADN que codifica para un polipéptido que tiene actividad fosfopanteteinil transferasa operativamente unido con un promotor funcional en dicha célula huésped, comprendiendo la molécula de ADN un polinucleótido que comprende una secuencia seleccionada de:
- 30 (a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C, codificando el polinucleótido para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa;
- (b) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y
- (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa y que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7.
- 35 6. La célula huésped de acuerdo con la reivindicación 5, comprendiendo la célula huésped además una molécula de ADN que codifica para un polipéptido de poliquétido sintasa que comprende un sitio de unión a fosfopanteteína, en la que la molécula de ADN que codifica para un polipéptido de poliquétido sintasa está operativamente unida con un promotor heterólogo, preferentemente
- 40 (i) el polipéptido de poliquétido sintasa comprende un sitio de unión a fosfopanteteína de *Moritella marina*; o
- (ii) la célula huésped comprende además una molécula de ADN que codifica para un polipéptido de poliquétido sintasa que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO: 19.
7. La célula huésped de acuerdo con la reivindicación 5, en la que
- 45 (i) la célula huésped es una célula vegetal; o
- (ii) la célula huésped es una célula fúngica o una célula bacteriana; o
- (iii) la célula huésped se define porque muestra biosíntesis de ácidos grasos alterada con respecto a una célula del mismo genotipo que dicha célula huésped pero que carece de la molécula de ADN.
- 50 8. Una planta transgénica, o semilla de la misma, o partes de la misma, comprendiendo dichas planta transgénica, semilla y partes de planta una molécula de ADN que codifica para un polipéptido que tiene actividad fosfopanteteinil transferasa operativamente unida con un promotor funcional en dicha planta, comprendiendo la molécula de ADN un polinucleótido que comprende una secuencia seleccionada de:
- (a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C, codificando el polinucleótido para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa;

- (b) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y
- (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa y que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7.

5 9. La planta de acuerdo con la reivindicación 8, que se define además porque comprende una molécula de ADN que codifica para poliquétido sintasa.

10. La planta de acuerdo con la reivindicación 8 o 9, seleccionándose la planta de canola, *Brassica campestris*, colza oleaginosa, nabina, soja, crambe, mostaza, semilla de ricino, cacahuete, sésamo, semilla de algodón, semilla de lino, cártamo, palma de aceite, linaza, girasol, maíz, arroz, cebada, mijo, centeno, trigo, avena, alfalfa y sorgo.

10 11. Un procedimiento de producción de alimento o pienso, que comprende las etapas de:

- (a) obtener la planta transgénica o una parte de la misma de acuerdo con la reivindicación 8 o 9; y
- (b) producir dicho alimento o pienso a partir de la misma.

12. El procedimiento de acuerdo con la reivindicación 11, en el que el alimento o pienso es aceite, ensilaje, sémola, grano, almidón, harina o proteína.

15 13. Un procedimiento de producción de ácido docosahexaenoico o ácido eicosapentaenoico que comprende las etapas de:

- (i) expresar en las semillas de una planta que comprende una molécula de ADN que codifica para poliquétido sintasa y un polinucleótido que comprende una secuencia seleccionada de:

20 (a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C, codificando el polinucleótido para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa;

(b) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y

25 (c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa y que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7 para producir ácido docosahexaenoico o ácido eicosapentaenoico; y

- (ii) obtener el ácido docosahexaenoico o ácido eicosapentaenoico a partir de dicha semilla.

14. Una composición de alimento o de pienso

30 (i) producida mediante el procedimiento de acuerdo con la reivindicación 11 y que comprende una molécula de ácido nucleico detectable que comprende un polinucleótido que comprende una secuencia seleccionada de:

(a) un polinucleótido que hibrida con la SEQ ID NO:6 o la SEQ ID NO:8, o un complemento del mismo, en condiciones de 5X SSC, formamida al 50 % y 42 °C, codificando el polinucleótido para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa;

35 (b) un polinucleótido que codifica para la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; y

(c) un polinucleótido que codifica para un polipéptido con actividad fosfopanteteinil transferasa y que tiene al menos un 75 % de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptido de la SEQ ID NO:5 o la SEQ ID NO:7; o

40 (ii) producida mediante el procedimiento de acuerdo con la reivindicación 12, en el que la planta transgénica es una planta de acuerdo con la reivindicación 9 y en el que la composición de alimento o de pienso comprende ácido docosahexaenoico o ácido eicosapentaenoico; o

(iii) producida a partir de una planta preparada según reivindicación 13, que comprende ácido docosahexaenoico o ácido eicosapentaenoico.

FIG. 1.

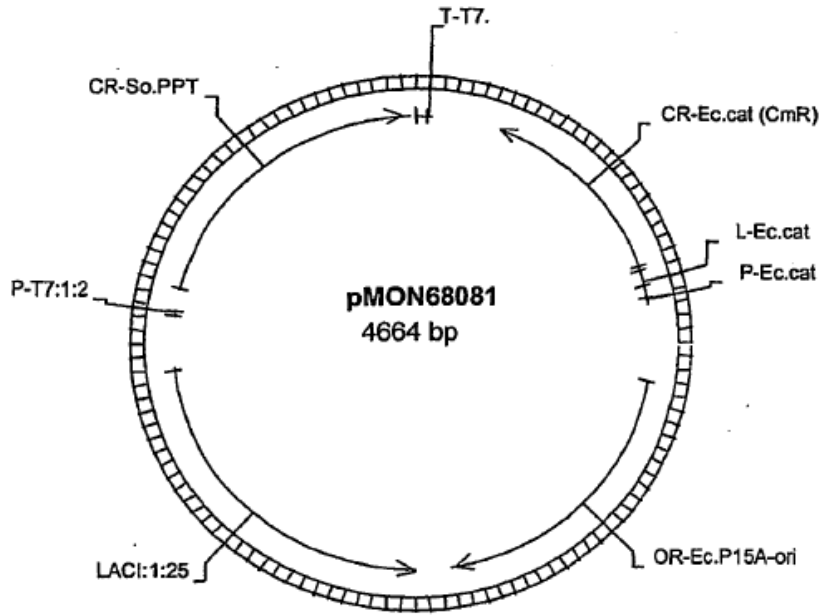


FIG. 2

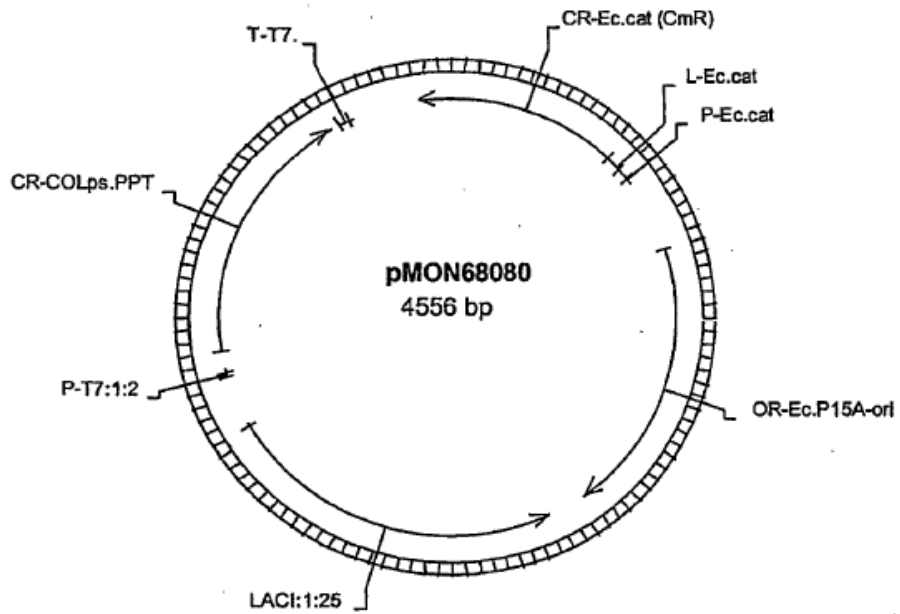


FIG. 3

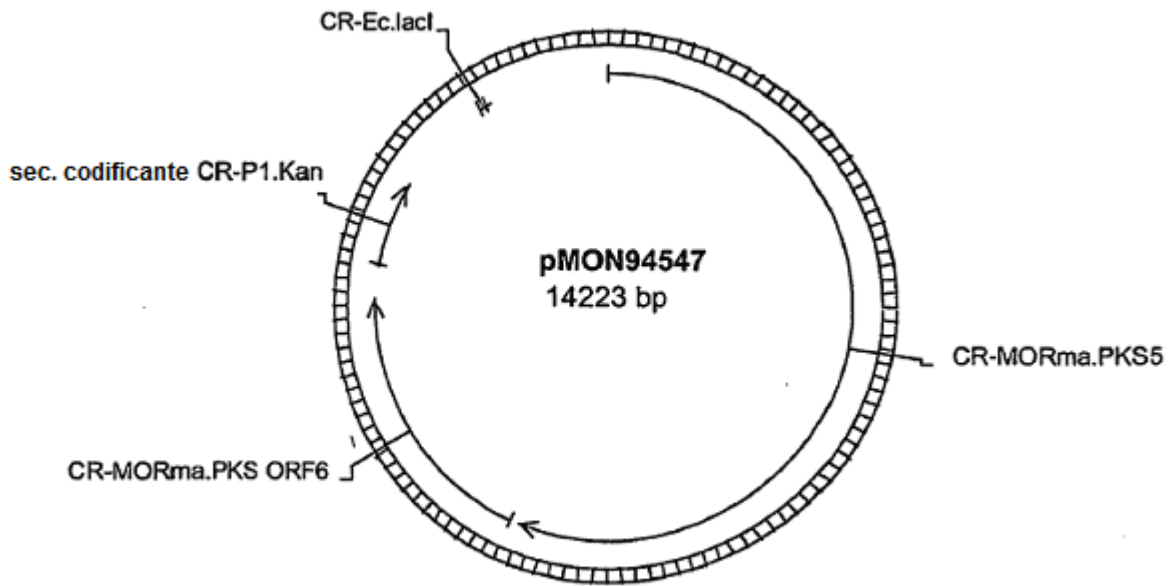


FIG. 4

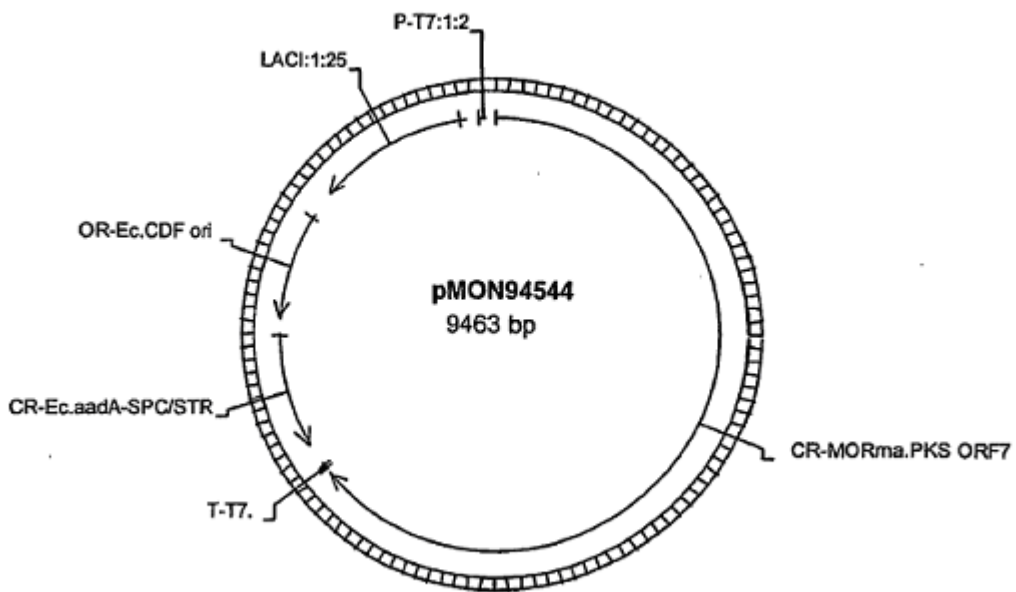


FIG. 5

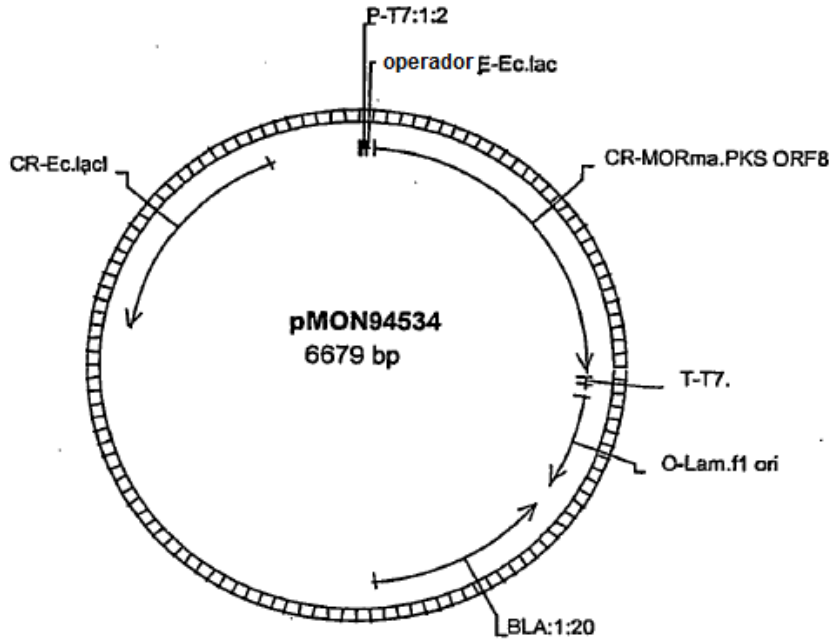


FIG. 6

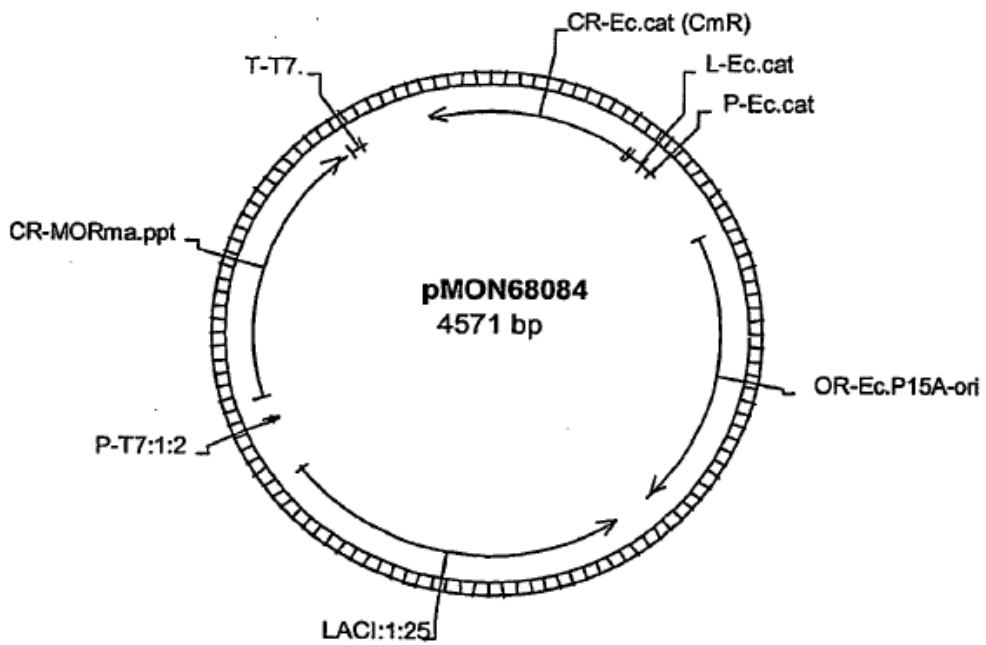


FIG. 7

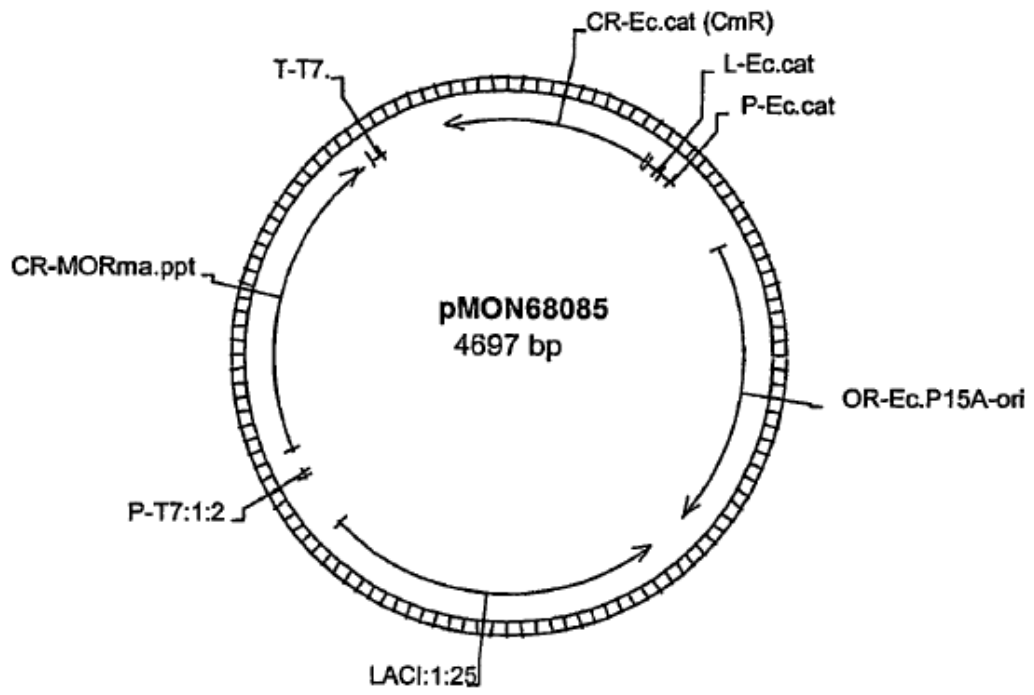


FIG. 8

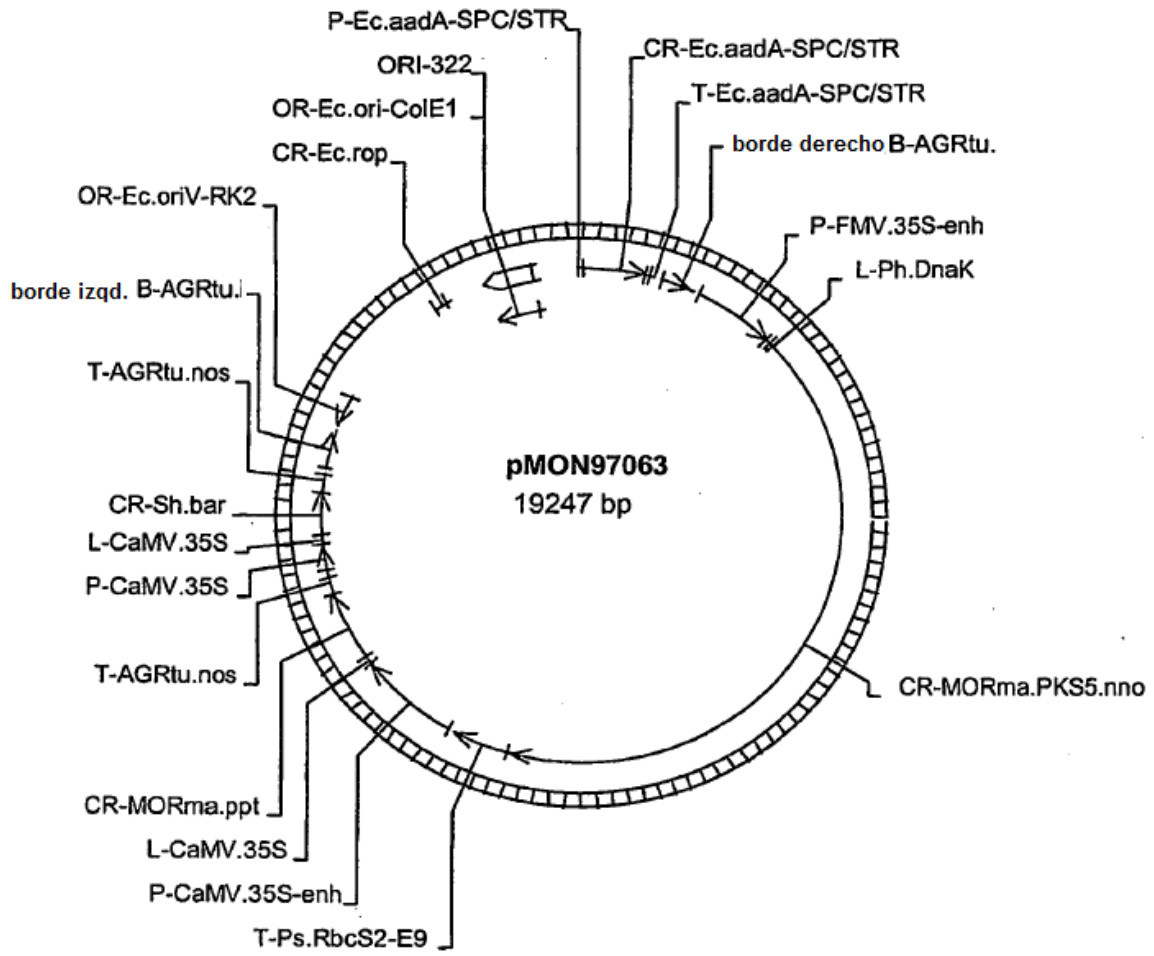


FIG. 9

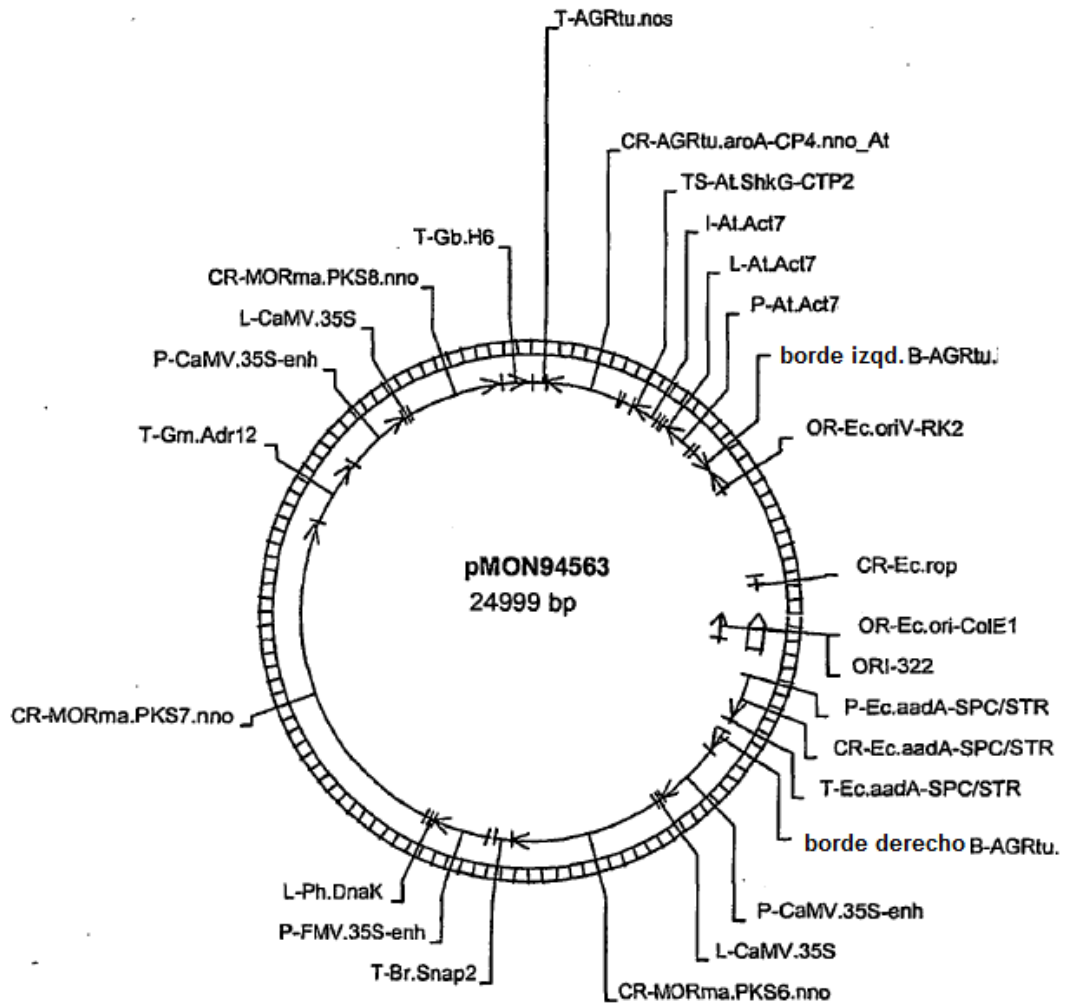


FIG. 10

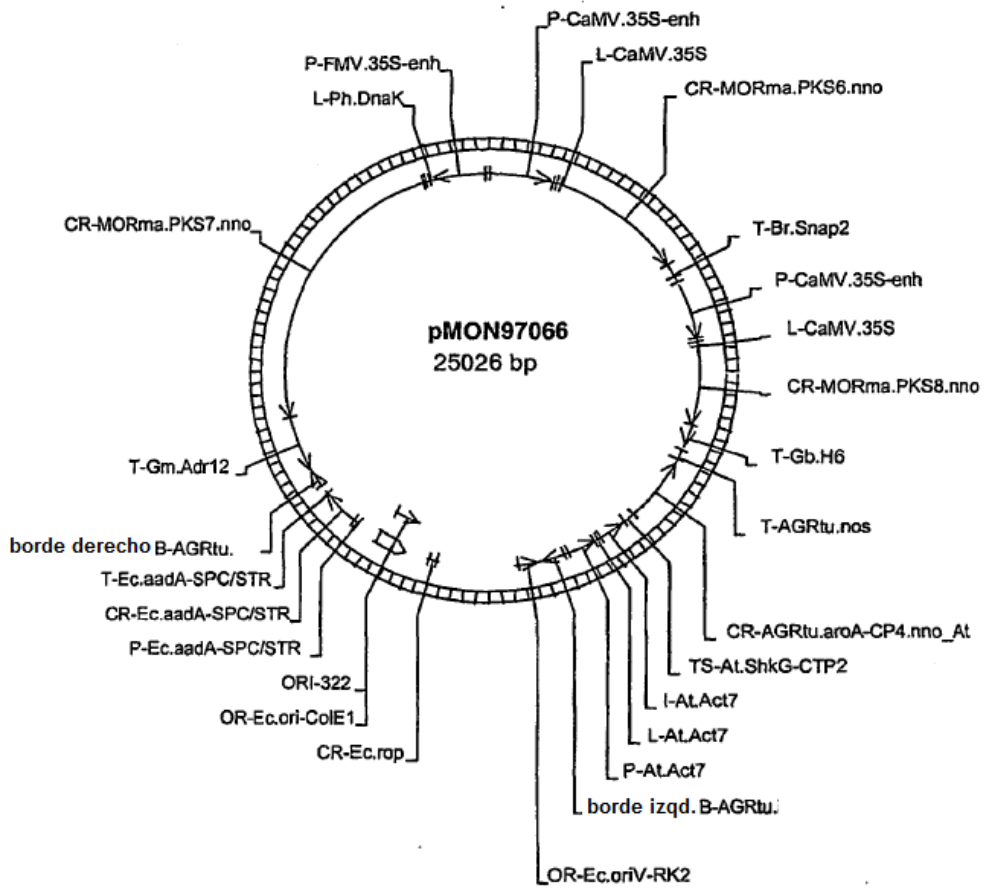


FIG. 11

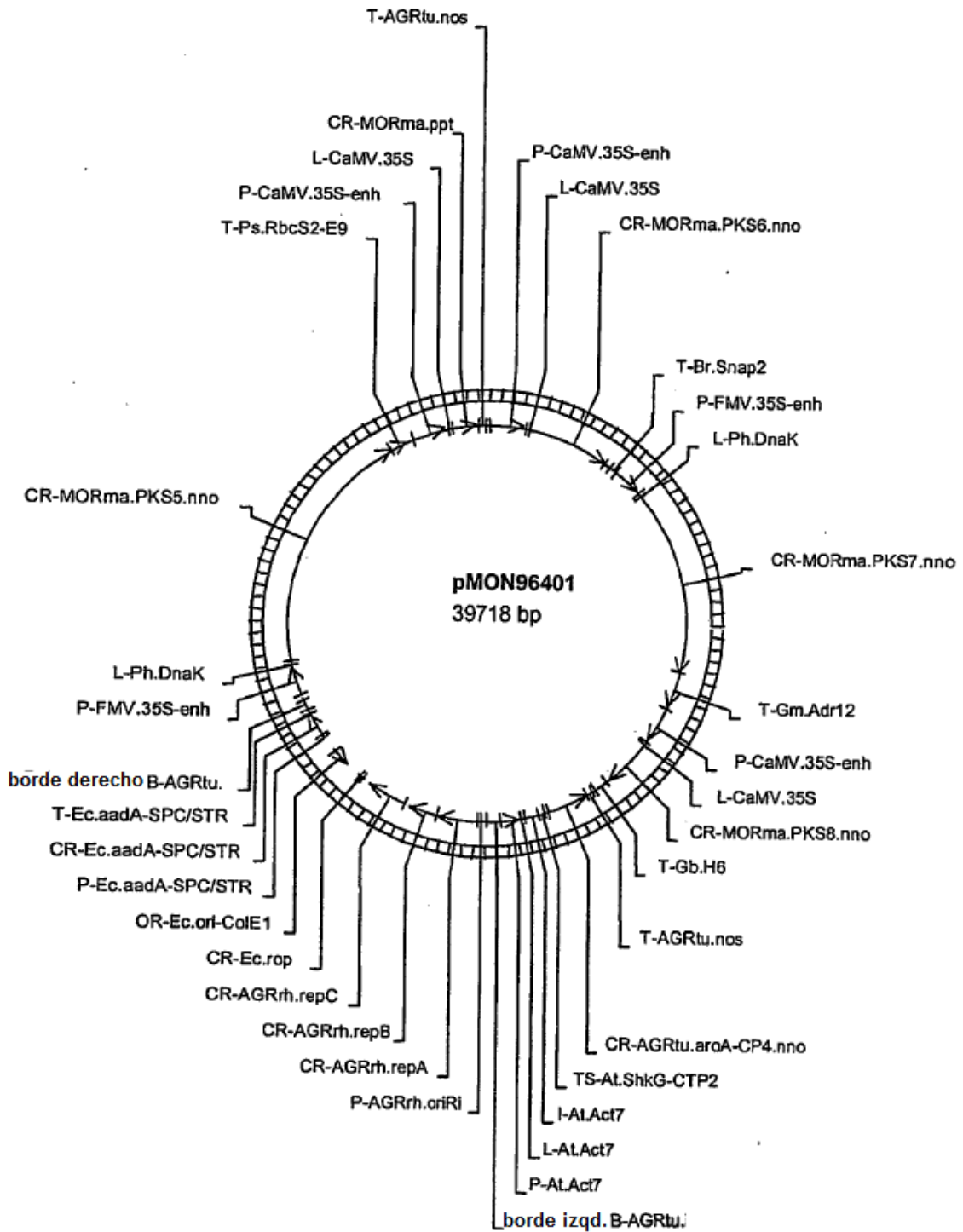


FIG. 12

