(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 583 205**

(51) Int. CI.:

C11B 1/02 (2006.01)
C12N 9/02 (2006.01)
C12N 9/10 (2006.01)
A01K 67/027 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **16.07.2004 E 09176088 (4)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.05.2016 EP 2172536**

(54) Título: **Procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados en organismos transgénicos**

(30) Prioridad:

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

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
19.09.2016

(73) Titular/es:

BASF PLANT SCIENCE GMBH (100.0%)
67056 Ludwigshafen, DE

(72) Inventor/es:

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

(74) Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

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

DESCRIPCIÓN

Procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados en organismos transgénicos

La presente invención se refiere a un procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados en un organismo no humano, introduciéndose en el organismo ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad Δ6-elongasa. Ventajosamente pueden expresarse en el organismo estas secuencias de ácido nucleico eventualmente junto con otras secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos de la biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos. Son especialmente ventajosas las secuencias de ácido nucleico que codifican una actividad Δ6-desaturasa, una actividad Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ12-desaturasa y/o Δ5-elongasa. Ventajosamente proceden estas desaturasas y elongasas de *Thalassiosira*, *Euglena* u *Ostreococcus*. Además se refiere la invención a un procedimiento para la preparación de aceites y/o triacilglicéridos con un contenido elevado en ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga.

La presente invención se refiere además en una forma de realización preferente a un procedimiento para la preparación de ácidos grasos ω3 insaturados así como a un procedimiento para la preparación de triglicéridos con un contenido elevado en ácidos grasos insaturados, especialmente de ácidos grasos ω3 con más de tres dobles enlaces. La invención se refiere a la preparación de un organismo transgénico, preferentemente de una planta transgénica o de un microorganismo transgénico con contenido elevado en ácidos grasos ω3 insaturados, aceites o lípidos con dobles enlaces ω3 debido a la expresión de las elongasas y desaturasas usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención ventajosamente en unión con ω3-desaturasas, por ejemplo una ω3-desaturasa de hongos de la familia Pythiaceae, tal como el género Phytophtora, por ejemplo del género y especie *Phytophtora infestans* o una ω3-desaturasa de algas, tal como la familia de las Prasinophyceae, por ejemplo del género Ostreococcus especialmente del género y especie *Ostreococcus tauri* o diatomeas tal como el género Thalassiosira, especialmente del género y especie *Thalassiosira pseudonana*.

La invención se refiere además a las secuencias de ácido nucleico, construcciones de ácido nucleico, vectores y organismos que contienen las secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención, vectores que contienen las secuencias de ácido nucleico y/o las construcciones de ácido nucleico así como a organismos transgénicos no humanos que contienen las secuencias de ácido nucleico, construcciones de ácido nucleico y/o vectores mencionados anteriormente.

Se describen aceites, lípidos y/o ácidos grasos preparados según el procedimiento de acuerdo con la invención y su uso. Además, la invención se refiere a ácidos grasos insaturados así como a triglicéridos con un elevado contenido en ácidos grasos insaturados y a su uso.

Los ácidos grasos y triacilglicéridos tienen una gran cantidad de aplicaciones en la industria de productos alimenticios, en la alimentación de animales, la cosmética y en el sector farmacéutico. Dependiendo de si se trata de ácidos grasos saturados e insaturados libres o de triacilglicéridos con un contenido elevado en ácidos grasos saturados o insaturados, éstos son adecuados para las más diversas aplicaciones. Los ácidos grasos poliinsaturados, tal como ácido linoleico y ácido linolénico son esenciales para mamíferos, dado que no pueden producirse por éstos mismos. Por tanto, los ácidos grasos ω3 y ácidos grasos ω6 poliinsaturados representan una parte constituyente importante de la nutrición animal y humana.

Los ácidos grasos ω3 poliinsaturados de cadena larga, tal como ácido eicosapentaenoico (= EPA, $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$) o ácido docosahexaenoico (= DHA, $C_{22;6}^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$) son componentes importantes de la alimentación humana debido a sus diferentes papeles en la salud, que comprenden aspectos tales como el desarrollo del cerebro infantil, la funcionalidad de los ojos, la síntesis de hormonas y de otras sustancias de señal, así como la prevención de trastornos cardiovasculares, cáncer y diabetes (Poulos, A Lipids 30:1-14, 1995; Horrocks, LA y Yeo YK Pharmacol Res 40:211-225, 1999). Por esta razón existe la necesidad de producir ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga.

Debido a la composición habitual actualmente de la alimentación humana, es especialmente importante una adición a la alimentación de ácidos grasos ω3 poliinsaturados que provienen preferentemente de aceites de pescado. Así, por ejemplo, se añaden ácidos grasos poliinsaturados tal como ácido docosahexaenoico (=DHA, $C_{22;6}^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$) o ácido eicosapentaenoico (=EPA, $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$) en la alimentación para bebés con el fin de elevar el valor nutritivo. Al ácido graso insaturado DHA se atribuye en tal caso un efecto positivo sobre el desarrollo y mantenimiento de funciones cerebrales.

A continuación se designan ácidos grasos poliinsaturados como PUFA, PUFAs, LCPUFA o LCPUFAs (**p**oly **u**nsaturated **f**atty **a**cids, **PUFA**, ácidos grasos poliinsaturados; **l**ong **c**hain **p**oly **u**nsaturated **f**atty **a**cids, **LC-PUFA**, ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga).

Los diversos ácidos grasos y triglicéridos se obtienen principalmente a partir de microorganismos tales como *Mortierella* o *Schizochytrium* o de vegetales que producen aceite tales como soja, colza, algas tales como *Crypthecodinium* o *Phaeodactilum* y otros, en cuyo caso se producen por regla general en forma de sus triacilglicéridos (= triglicéridos = trigliceroles). Sin embargo también pueden obtenerse de animales tales como, por

ejemplo, pescados. Los ácidos grasos libres se preparan ventajosamente por saponificación. Los ácidos grasos poliinsaturados de cadena muy larga, tal como DHA, EPA, ácido araquidónico (=ARA, $C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$), ácido dihomo-γ-linolénico ($C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$) o ácido docosapentaenoico (DPA, $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$) no se sintetizan en plantas oleaginosas tales como colza, soja, girasol, cártamo. Las fuentes naturales habituales para estos ácidos grasos son pescados tal como arenque, salmón, sardina, gallineta nórdica, anguila, carpa, trucha, rodaballo, caballa, lucio o atún o son algas.

Dependiendo del fin de aplicación se prefieren aceites con ácidos grasos saturados o insaturados. Así se prefieren en la alimentación humana, por ejemplo, lípidos con ácidos grasos insaturados, especialmente ácidos grasos poliinsaturados. A los ácidos grasos ω3 poliinsaturados se atribuye un efecto positivo sobre el nivel de colesterol en la sangre y con ello sobre la posibilidad de prevenir una enfermedad cardiaca. Mediante adición de estos ácidos grasos ω3 a la alimentación puede reducirse claramente el riesgo de una enfermedad cardiaca, de una apoplejía o de hipertensión. También los procesos inflamatorios, especialmente inflamatorios crónicos en el contexto de las enfermedades inmunológicas, tales como artritis reumatoide, pueden verse afectados positivamente por los ácidos grasos ω3. Por tanto se añaden a los alimentos, especialmente a los alimentos dietéticos o se usan en medicamentos. Los ácidos grasos ω6, tal como el ácido araquidónico, tienen en el caso de estas patologías reumáticas más bien un efecto negativo sobre estas enfermedades debido a la composición usual de nuestros alimentos.

Los ácidos grasos ω3 y ω6 son precursores de hormonas tisulares, los denominados eicosanoides tales como las prostaglandinas, que se derivan del ácido dihomo-γ-linolénico, del ácido araquidónico y del ácido eicosapentaenoico, de los trobmoxanos y leucotrienos que se derivan del ácido araquidónico y del ácido eicosapentaenoico. Los eicosanoides (la denominada serie PG_2), que se forman a partir de ácidos grasos ω6, por regla general promueven reacciones inflamatorias, mientras que los eicosanoides (la denominada serie PG_3) de los ácidos grasos ω3 tienen una baja acción promotora de la inflamación, o ninguna.

Debido a sus propiedades positivas no han faltado intentos en el pasado de poner a disposición genes que intervienen en la síntesis de ácidos grasos o de triglicéridos para la preparación de aceites en diferentes organismos con contenido modificado en ácidos grasos insaturados. Así, en el documento WO 91/13972 y en su equivalente estadounidense se describe una Δ9-desaturasa. En el documento WO 93/11245 se reivindica una Δ15-desaturasa, en el documento WO 94/11516 se reivindica una Δ12-desaturasa. Otras desaturasas se describen por ejemplo en los documentos EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey y col., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144-20149, Wada y col., Nature 347, 1990: 200-203 o Huang y col., Lipids 34, 1999: 649-659. Sin embargo, la caracterización bioquímica de las diferentes desaturasas hasta ahora se ha efectuado de manera insuficiente puesto que las enzimas como proteínas unidas a membrana solo pueden aislarse y caracterizarse muy difícilmente (McKeon y col., Methods in Enzymol. 71, 1981:12141-12147, Wang y col., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777-792). Por regla general se realiza la caracterización de desaturasas unidas a membrana mediante introducción en un organismo adecuado, que se somete a estudio a continuación para determinar la actividad enzimática por medio de análisis de productos de partida y productos. Las Δ6-desaturasas se describen en los documentos WO 93/06712, US 5.614.393, WO 96/21022, WO 00/21557 y WO 99/27111 y también la aplicación para la producción en organismos transgénicos descrita tal como en los documentos WO 98/46763, WO 98/46764, WO 9846765. A este respecto se describe y se reivindica también la expresión de distintas desaturasas, como en el documento WO 99/64616 o WO 98/46776 y la formación de ácidos grasos poliinsaturados. Con respecto a la efectividad de la expresión de desaturasas y su influencia sobre la formación de ácidos grasos poliinsaturados ha de anotarse que mediante expresión de una desaturasa individual como se ha descrito hasta ahora solo se han logrado contenidos bajos de ácidos grasos insaturados / lípidos como, por ejemplo, ácido γ-linolénico y ácido estearidónico. Además se obtenía por regla general una mezcla de ácidos grasos ω3 y ω6.

Los microorganismos particularmente adecuados para la preparación de PUFAs son microorganismos tales como microalgas, tales como *Phaeodactilum tricornutum*, especies de Porphiridium, especies de Thraustochytrien, especies de Schizochytrien o especie de Crypthecodinium, ciliados como Stilonychia o Colpidium, hongos como Mortierella, Entomophthora o Mucor y/o musgos tales como Physcomitrella, Ceratodon y Marchantia (R. Vazhappilly & F. Chen (1998) Botanica Marina 41: 553-558; K. Totani & K. Oba (1987) Lipids 22: 1060-1062; M. Akimoto y col. (1998) Appl. Biochemistry and Biotechnology 73: 269-278). Mediante selección de cepas se ha desarrollado una cantidad de cepas mutantes de los microorganismos correspondientes, los cuales producen una serie de compuestos valiosos, incluidos PUFAs. La mutación y selección de cepas con producción mejorada de una molécula determinada, como los ácidos grasos poliinsaturados, es sin embargo un procedimiento difícil y largo. Por lo tanto se prefieren procedimientos de ingeniería genética como los descritos anteriormente, siempre que sea posible. Sin embargo, con ayuda de los microorganismos mencionados anteriormente solo pueden prepararse cantidades limitadas de los ácidos grasos poliinsaturados deseado tales como DPA, EPA o ARA. En tal caso, por regla general, según el microorganismo usado, se producen mezclas de ácidos grasos de, por ejemplo, EPA, DPA y ARA.

Para la síntesis de ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico (EPA) y ácido docosahexaenoico (DHA) se discuten diversas vías de síntesis (figura 1). Así se realiza la producción de EPA o DHA en bacterias marinas tales como *Vibrio* sp. o *Shewanella* sp. según la vía de poliquétido (Yu, R. y col. Lipids 35:1061-1064, 2000; Takeyama, H. y col. Microbiology 143:2725-2731,1197).

Una estrategia alternativa discurre a través de la actividad cambiante de las desaturasas y elongasas (Zank, T.K. y col. Plant Journal 31:255-268, 2002; Sakuradani, E. y col. Gene 238:445-453, 1999). Una modificación de la vía descrita a través de la Δ6-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ4-desaturasa es la vía de síntesis de Sprecher (Sprecher 2000, Biochim. Biophys. Acta 1486:219-231) en mamíferos. En lugar de la Δ4-desaturación se realiza en este caso otra etapa de elongación hasta obtener C_{24}, otra Δ6-desaturación y finalmente una β-oxidación hasta obtener la longitud de cadena C_{22}. Sin embargo, para la preparación en plantas y microorganismos, la denominada vía de síntesis de Sprecher (véase la figura 1) no es adecuada, dado que no se conocen los mecanismos de regulación.

Los ácidos grasos poliinsaturados pueden dividirse de manera correspondiente a su patrón de desaturación en dos grandes clases, en ácidos grasos ω6 o ω3, que tienen actividades metabólica y funcionalmente distintas (figura 1).

Como producto de partida para la vía metabólica ω6 actúa el ácido graso ácido linoleico ($C_{18:2}^{\Delta 9,12}$), mientras que la vía ω3 transcurre por el ácido linolénico ($C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$). A este respecto se forma el ácido linolénico mediante actividad de una ω3-desaturasa (Tocher y col. 1998, Prog. Lipid Res. 37, 73-117; Domergue y col. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113).

Los mamíferos y con ello tampoco el ser humano, no disponen de ninguna actividad desaturasa correspondiente (Δ12-desaturasa y ω3-desaturasa) y deben asimilar estos ácidos grasos (ácidos grasos esenciales) mediante la alimentación. Mediante la secuencia de reacciones de desaturasa y elongasa se sintetizan entonces a partir de estos precursores los ácidos grasos poliinsaturados fisiológicamente importantes, ácido araquidónico (=ARA, $C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$), un ácido graso ω6 y los dos ácidos grasos ω3 ácido eicosapentaenoico (=EPA, $C_{20:5}^{\Delta 5,B,11,14,17}$) y ácido docosahexaenoico (=DHA, $C_{22:6}^{\Delta 4,7,10,13,17,19}$). La aplicación de ácidos grasos ω3 muestra a este respecto la acción terapéutica tal como se ha descrito anteriormente en el tratamiento de enfermedades cardiovasculares (Shimikawa 2001, World Rev. Nutr. Diet. 88, 100-108), inflamaciones (Calder 2002, Proc. Nutr. Soc. 61, 345-358) y artritis (Cleland y James 2000, J. Rheumatol. 27, 2305-2307).

Desde un punto de vista de la fisiología nutricional es importante, por lo tanto, que en la síntesis de ácidos grasos poliinsaturados se consiga un desplazamiento entre la vía de síntesis ω6 y la vía de síntesis de ω3 (véase la figura 1), de modo que se produzcan más ácidos grasos ω3. En la bibliografía se han descrito las actividades enzimáticas de diferentes ω3-desaturasas, que desaturan ácidos grasos $C_{18:2}$, $C_{22:4}$ o $C_{22:5}$ (véase la figura 1). Sin embargo, ninguna de las desaturasas descritas bioquímicamente convierte un amplio espectro de sustrato de la vía de síntesis ω6 en los ácidos grasos correspondientes de la vía de síntesis ω3.

Por lo tanto existe además una gran demanda de una ω3-desaturasa que sea adecuada para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados ω3. Todas las ω3-desaturasas vegetales y cianobacterianas conocidas desaturan ácidos grasos de C_{18} con ácido linoléico como sustrato, sin embargo no pueden desaturar ácidos grasos C_{20} o C_{22}.

Del hongo *Saprolegnia dicilina* se conoce una ω3-desaturasa [Pereira y col. 2004, Biochem. J. 378(Pt2):665-71] que puede desaturar ácidos grasos poliinsaturados C_{20}. Sin embargo es desventajoso que esta ω3-desaturasa no pueda desaturar PUFAs C_{18} o C_{22}, tales como los ácidos grasos importantes $C_{16:2}$, $C_{22:4}$ o $C_{22:5}$ de la vía de síntesis ω6. Otra desventaja de esta enzima es que no puede desaturar ácidos grasos que estén unidos a los fosfolípidos. Se convierten solo los ésteres de ácido graso-CoA.

El alargamiento de ácidos grasos mediante elongasas en 2 o 4 átomos de C es decisivamente importante para la producción de PUFAs C_{20} o C_{22}. Este proceso discurre a lo largo de 4 horas. La primera etapa proporciona la condensación de malonil-CoA en el ácido graso-acil-CoA mediante la cetoacil-CoA-sintasa (KCS, designada en el texto posterior como elongasa). Le sigue entonces una etapa de reducción (cetoacil-CoA-reductasa, KCR), una etapa de deshidratación (deshidratasa) y una etapa de reducción final (enoil-CoA-reductasa). Se postuló que la actividad de la elongasa influye en la especificidad y velocidad de todo el proceso (Millar and Kunst, 1997 Plant Journal 12:121-131).

En el pasado se emprendieron numerosos ensayos para obtener genes de elongasa. Millar and Kunst, 1997 (Plant Journal 12:121-131) y Millar y col. 1999, (Plant Cell 11:825-838) describen la caracterización de elongasas vegetales para la síntesis de ácidos grasos monoinsaturados de cadena larga ($C_{22:1}$) o para la síntesis de ácidos grasos de cadena muy larga para la formación de cera en plantas (C_{28}-C_{32}). Ciertas descripciones para la síntesis de ácido araquidónico y EPA se encuentran por ejemplo en los documentos WO 0159128, WO 0012720, WO 02077213 y WO 0208401. La síntesis de ácidos grasos C_{24} poliinsaturados se ha descrito por ejemplo en Tvrdik y col 2000, JCB 149:707-717 o el documento WO 0244320.

Para la preparación de DHA ($C_{22:6}$ n-3) en organismos que no producen este ácido graso de manera natural no se ha descrito hasta ahora ninguna elongasa específica. Hasta ahora se han descrito solo elongasas que proporcionan ácidos grasos C_{20} o C_{24}. Una actividad Δ5-elongasa no se ha descrito aún de momento.

Las plantas superiores contienen ácidos grasos poliinsaturados tales como ácido linoleico ($C_{18:2}$) y ácido linolénico ($C_{18:3}$). ARA, EPA y DHA no aparecen en absoluto en el aceite de semillas de plantas superiores o solo aparecen en

trazas (E. Ucciani: Nouveau Dictionnaire des Huiles Vegetales. Technique & Documentation - Lavoisier, 1995. ISBN: 2-7430-0009-0). Sin embargo sería ventajoso producir LCPUFAs en plantas superiores, preferentemente en semillas oleaginosas tales como colza, lino, girasol y soja, dado que de esta manera pueden obtenerse de manera económica grandes cantidades de LCPUFAs cualitativamente de alta calidad para la industria alimenticia, la alimentación de animales y para fines farmacéuticos. Para ello deben introducirse y expresarse ventajosamente, por medio de procedimientos de ingeniería genética, genes que codifican enzimas de la biosíntesis de LCPUFAs en semillas oleaginosas. Éstos son genes que codifican por ejemplo para Δ6-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas o Δ4-desaturasas. Estos genes pueden aislarse ventajosamente de microorganismos y plantas inferiores que producen LCPUFAs y se insertan en las membranas o triacilglicéridos. Así pudieron aislarse ya genes de Δ6-desaturasa del musgo *Physcomitrella patens* y genes de Δ6-elongasa de *P. patens* y del nematodo *C. elegans*.

Las primeras plantas transgénicas, que contenían y expresaban genes que codifican enzimas de la biosíntesis de LCPUFA y producían LCPUFAs se describieron por primera vez por ejemplo en el documento DE 102 19 203 (procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados en plantas). Sin embargo, estas plantas producen LCPUFAs en cantidades que deben optimizarse aún posteriormente para un procesamiento de los aceites contenidos en las plantas.

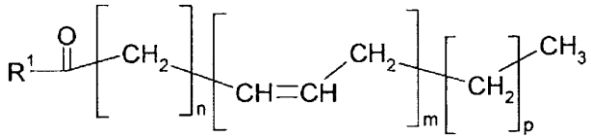
Para permitir un enriquecimiento del alimento y/o del pienso con estos ácidos grasos poliinsaturados, existe por tanto una gran necesidad de un procedimiento sencillo y económico para la preparación de estos ácidos grasos poliinsaturados especialmente en sistemas eucariotas.

Por tanto existía el objetivo de poner a disposición otros genes o enzimas que fueran adecuados para la síntesis de LCPUFAs, especialmente genes que presentaran una actividad Δ6-elongasa, para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados. Este objetivo se solucionó mediante la facilitación de un ácido nucleico con una secuencia que codifica un polipéptido con actividad Δ6-elongasa, con

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 45,
b) un ácido nucleico que puede derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 46, o
c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 45, que codifica polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 46 y presenta una actividad Δ6-elongasa.

Otro objetivo de esta invención era la facilitación de genes o enzimas que permitieran un desplazamiento de los ácidos grasos ω6 a los ácidos grasos ω3. Este objetivo se solucionó mediante la facilitación de construcciones génicas que contienen los ácidos nucleicos mencionados anteriormente y adicionalmente genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos.

Además existía el objetivo de desarrollar un procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados en un organismo, ventajosamente en un organismo eucariota no humano, preferentemente en una planta o un microorganismo. Este objetivo se solucionó mediante el procedimiento de acuerdo con la invención para la preparación de compuestos de fórmula general I



(I)

en organismo transgénicos con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos con respecto al contenido en lípidos total del organismo transgénico no humano, caracterizado porque comprende las siguientes etapas de procedimiento:

a) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ9-elongasa y/o una actividad Δ6-desaturasa e

b) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ8-desaturasa y/o una actividad Δ6-elongasa e

c) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ5-desaturasa e

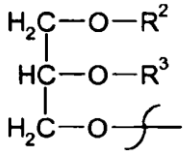
d) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ5-elongasa e

e) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ4-

desaturasa y

en el que las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el siguiente significado:

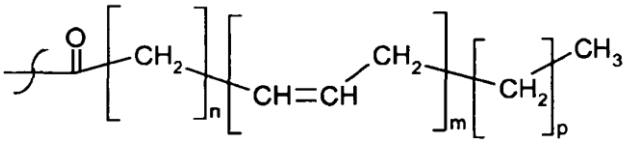
R^1= hidroxilo, coenzima A (tioéster), liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol, esfingobase o un resto de fórmula general II



(II)

R^2= hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquilcarbonilo C_2-C_{24} saturado o insaturado,

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



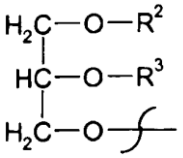
(Ia)

n= 2, 3, 4, 5, 6, 7 o 9, m = 2, 3, 4, 5 o 6 y p = 0 o 3

en el que el ácido nucleico que codifica una Δ6-elongasa es un ácido nucleico con

a) la secuencia representada en la SEQ ID NO: 45,
b) un ácido nucleico que puede derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 46 o
c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 45, que codifica polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 46 y presenta una actividad Δ6-elongasa.

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



(II)

Los restos mencionados anteriormente de R^1 siempre están unidos en forma de sus tioésteres a los compuestos de fórmula general I.

R^2 significa en la fórmula general II hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquilcarbonilo C_2-C_{24} saturado o insaturado.

Como restos alquilo pueden mencionarse cadenas de alquilcarbonilo C_2-C_{24}, saturado o insaturado, sustituido o no sustituido, tales como etilcarbonilo, n-propilcarbonilo, n-butilcarbonilo, n-pentilcarbonilo, n-hexilcarbonilo, n-heptilcarbonilo, n-octilcarbonilo, n-nonilcarbonilo, n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que contienen uno o más dobles enlaces. Se prefieren restos de alquilcarbonilo C_{10}-C_{22}, saturados o insaturados tales como n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo, n-tetracosanilcarbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren especialmente restos de alquilcarbonilo C_{10}-C_{22} saturados y/o insaturados, tales como alquilcarbonilo C_{10}, alquilcarbonilo C_{11}, alquilcarbonilo C_{12}, alquilcarbonilo C_{13}, alquilcarbonilo C_{14}, alquilcarbonilo C_{16}, alquilcarbonilo C_{18}, alquilcarbonilo C_{20} o restos de alquilcarbonilo C_{22}, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren muy especialmente restos de alquilcarbonilo C_{16}-C_{22} saturados o insaturados, tales como restos de alquilcarbonilo C_{16}, alquilcarbonilo C_{18}, alquilcarbonilo C_{20} o alquilcarbonilo C_{22}, que contienen uno o varios dobles enlaces. Estos restos

ventajosos pueden contener dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los restos especialmente ventajosos con 20 o 22 átomos de carbono en la cadena de ácido graso contienen hasta seis dobles enlaces, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, de manera especialmente preferente cinco o seis dobles enlaces. Todos los restos mencionados se derivan de los correspondientes ácidos grasos.

R^3 significa en la fórmula general II hidrógeno, alquilcarbonilo C_2-C_{24} saturado o insaturado.

Como restos alquilo pueden mencionarse cadenas de alquilcarbonilo de C_2-C_{24}, sustituido o no sustituido, saturado o insaturado tal como etilcarbonilo, n-propilcarbonilo, n-butilcarbonilo, n-pentilcarbonilo, n-hexilcarbonilo, n-heptilcarbonilo, n-octilcarbonilo, n-nonilcarbonilo, n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren restos alquilcarbonilo C_{10}-C_{22}, saturados o insaturados, tal como n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren especialmente restos de alquilcarbonilo C_{10}-C_{22} saturados y/o insaturados, tal como restos de alquilcarbonilo C_{10}, alquilcarbonilo C_{11}, alquilcarbonilo C_{12}, alquilcarbonilo C_{13}, alquilcarbonilo C_{14}, alquilcarbonilo C_{16}, alquilcarbonilo C_{18}, alquilcarbonilo C_{20} o alquilcarbonilo C_{22}, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren muy especialmente restos de alquilcarbonilo C_{16}-C_{22} saturados o insaturados, tales como restos de alquilcarbonilo C_{16}, alquilcarbonilo C_{18}, alquilcarbonilo C_{20} o alquilcarbonilo C_{22}, que contienen uno o varios dobles enlaces. Estos restos ventajosos pueden contener dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los restos especialmente ventajosos con 20 o 22 átomos de carbono en la cadena de ácido graso contienen hasta seis dobles enlaces, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, de manera especialmente preferente cinco o seis dobles enlaces. Todos los restos mencionados se derivan de los correspondientes ácidos grasos.

Los restos mencionados anteriormente de R^1, R^2 y R^3 pueden estar sustituidos con grupos hidroxilo y/o epoxi y/o pueden contener enlaces triples.

Los ácidos grasos poliinsaturados preparados en el procedimiento de acuerdo con la invención contienen ventajosamente al menos dos, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los ácidos grasos contienen de manera especialmente ventajosa cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los ácidos grasos preparados en el procedimiento tienen ventajosamente 18, 20 o 22 átomos de C en la cadena de ácido graso, los ácidos grasos contienen preferentemente 20 o 22 átomos de carbono en la cadena de ácido graso. Los ácidos grasos saturados ventajosamente reaccionan poco, o no reaccionan, con los ácidos nucleicos usados en el procedimiento. Por poco ha de entenderse que en comparación con los ácidos grasos poliinsaturados, los ácidos grasos saturados reaccionan con menos del 5 % de la actividad, ventajosamente menos del 3 %, de manera especialmente preferente con menos del 2 %, de manera muy especialmente preferente con menos del 1; 0,5; 0,25 o 0,125 %. Estos ácidos grasos preparados pueden prepararse como único producto en el procedimiento o pueden encontrarse en una mezcla de ácidos grasos.

En el caso de las secuencias de ácido nucleico usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención se trata de ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ6-elongasa, que se seleccionan del grupo que está constituido por:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 45, o

b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 46, o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 45, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 46 y presentan una actividad Δ6-elongasa.

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

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

117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, o

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184 y presentan una actividad Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa.

Ventajosamente, los sustituyentes R^2 o R^3 en las fórmulas generales I y II significan independientemente entre sí alquilcarbonilo C_{18}-C_{22} saturado o insaturado, de manera especialmente ventajosa significan éstos independientemente entre sí alquilcarbonilo C_{18}, C_{20} o C_{22} insaturado con al menos dos dobles enlaces.

Una forma de realización preferente del procedimiento está caracterizada porque se introduce adicionalmente en el organismo una secuencia de ácido nucleico que codifica polipéptidos con actividad ω3-desaturasa, seleccionada del grupo que está constituido por:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad ω3-desaturasa.

En otra forma de realización preferente, el procedimiento está caracterizado porque se introduce adicionalmente en el organismo una secuencia de ácido nucleico que codifica polipéptidos con actividad Δ12-desaturasa, seleccionada del grupo que está constituido por:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad Δ12-desaturasa.

Estas secuencias de Δ12-desaturasa mencionadas anteriormente pueden usarse solas o en combinación con las secuencias de ω3-desaturasa con las secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención y no de acuerdo

con la invención usadas en el procedimiento, que codifican Δ9-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas, Δ5-elongasas y/o Δ4-desaturasas.

La tabla 1 reproduce las secuencias de ácido nucleico, el organismo de origen y el número ID de secuencia.

N.º	Organismo	Actividad	Número de secuencia
1.	*Euglena gracilis*	Δ8-desaturasa	SEQ ID NO: 1
2.	*Isochrysis galbana*	Δ9-elongasa	SEQ ID NO: 3
3.	*Phaeodactylum tricornutum*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 5
4.	*Ceratodon purpureus*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 7
5.	*Physcomitrella patens*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 9
6.	*Thraustrochytrium* sp.	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 11
7.	*Mortierella alpina*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 13
8.	*Caenorhabditis elegans*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 15
9.	*Borago officinalis*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 17
10.	*Ceratodon purpureus*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 19
11.	*Phaeodactylum tricornutum*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 21
12.	*Physcomitrella patens*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 23
13.	*Caenorhabditis elegans*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 25
14.	*Physcomitrella patens*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 27
15.	*Thraustrochytrium* sp.	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 29
16.	*Phytophtora infestans*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 31
17.	*Mortierella alpina*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 33
18.	*Mortierella alpina*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 35
19.	*Caenorhabditis elegans*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 37
20.	*Euglena gracilis*	Δ4-desaturasa	SEQ ID NO: 39
21.	*Thraustrochytrium* sp.	Δ4-desaturasa	SEQ ID NO: 41
22.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 43
23.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 45
24.	*Crypthecodinium cohnii*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 47
25.	*Crypthecodinium cohnii*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 49
26.	*Oncorhynchus mykiss*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 51
27.	*Oncorhynchus mykiss*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 53
28.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 59
29.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 61
30.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 63

(continuación)

N.º	Organismo	Actividad	Número de secuencia
31.	*Thraustrochytrium aureum*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 65
32.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 67
33.	*Ostreococcus tauri*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 69
34.	*Primula farinosa*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 71
35.	*Primula vialii*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 73
36.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 75
37.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 77
38.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 79
39.	*Ostreococcus tauri*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 81
40.	*Thraustrochytrium* sp.	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 83
41.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 85
42.	*Phytophtora infestans*	ω3-desaturasa	SEQ ID NO: 87
43.	*Ostreococcus tauri*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 89
44.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 91
45.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 93
46.	*Ostreococcus tauri*	Δ4-desaturasa	SEQ ID NO: 95
47.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ6-desaturasa	SEQ ID NO: 97
48.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 99
49.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ5-desaturasa	SEQ ID NO: 101
50.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ4-desaturasa	SEQ ID NO: 103
51.	*Thalassiosira pseudonana*	ω3-desaturasa	SEQ ID NO: 105
52.	*Ostreococcus tauri*	Δ12-desaturasa	SEQ ID NO: 107
53.	*Thalassiosira pseudonana*	Δ12-desaturasa	SEQ ID NO: 109
54.	*Ostreococcus tauri*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 111
55.	*Ostreococcus tauri*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 113
56.	*Xenopus laevis* (BC044967)	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 117
57.	*Ciona intestinalis* (AK112719)	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 119
58.	*Euglena gracilis*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 131
59.	*Euglena gracilis*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 133
60.	*Arabidopsis thaliana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 135
61.	*Arabidopsis thaliana*	Δ5-elongasa	SEQ ID NO: 137
62.	*Phaeodactylum tricornutum*	Δ6-elongasa	SEQ ID NO: 183

Los ácidos grasos poliinsaturados preparados en el procedimiento se unen ventajosamente en lípidos de membrana y/o triacilglicéridos, sin embargo pueden existir también en los organismos como ácidos grasos libres o unidos en forma de otros ésteres de ácidos grasos. A este respecto pueden encontrarse éstos como “productos puros” o sin embargo ventajosamente en forma de mezclas de diversos ácidos grasos o mezclas de diferentes glicéridos. Los diversos ácidos grasos unidos en los triacilglicéridos pueden derivarse a este respecto de ácidos grasos de cadena corta con 4 a 6 átomos de C, ácidos grasos de cadena media con 8 a 12 átomos de C o ácidos grasos de cadena larga con 14 a 24 átomos de C, prefiriéndose los ácidos grasos de cadena larga, prefiriéndose especialmente los ácidos grasos de cadena larga LCPUFAs de ácidos grasos de C_{18}, C_{20} y/o C_{22}.

En el procedimiento de acuerdo con la invención se preparan ventajosamente ésteres de ácidos grasos con moléculas de ácidos grasos poliinsaturados C_{18}, C_{20} y/o C_{22} con al menos dos dobles enlaces en el éster de ácido graso, ventajosamente con al menos tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces en el éster de ácido graso, de manera especialmente ventajosa de al menos cinco o seis dobles enlaces en el éster de ácido graso y conducen ventajosamente a la síntesis de ácido linolénico (=LA, $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$), ácido γ-linolénico (=GLA, $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$), ácido estearidónico (=SDA, $C_{18:4}^{\Delta 6,9,12,15}$), ácido dihomo-γ-linolénico (=DGLA, $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$), ácido ω3-eicosatetraenoico (=ETA, $C_{20:4}^{\Delta 5,11,11,14}$), ácido araquidónico (=ARA, $C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$), ácido eicosapentaenoico (=EPA, $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,11}$), ácido ω6-docosapentaenoico ($C_{22:5}^{\Delta 4,7,10,13,16}$), ácido ω6-docosatetraenoico ($C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$), ácido ω3-docosapentaenoico (=DPA, $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$), ácido docosahexaenoico (=DHA, $C_{22:6}^{\Delta 7,10,13,16,19}$) o sus mezclas, preferentemente ARA, EPA y/o DHA. De manera muy especialmente preferente se preparan ácidos grasos ω3, tales como EPA y/o DHA.

Los ésteres de ácidos grasos con moléculas de ácidos grasos poliinsaturados C_{18}, C_{20} y/o C_{22} pueden aislarse de los organismos que se usan para la preparación de los ésteres de ácidos grasos, en forma de un aceite o lípido, por ejemplo en forma de compuestos tales como esfingolípidos, fosfoglicéridos, lípidos, glicolípidos tales como glicoesfingolípidos, fosfolípidos tales como fosfatidiletanolamina, fosfatidilcolina, fosfatidilserina, fosfatidilglicerol, fosfatidilinositol o difosfatidilglicerol, monoacilglicéridos, diacilglicéridos, triacilglicéridos y otros ésteres de ácidos grasos tales como los ésteres de acetil-coenzima A, que contienen los ácidos grasos poliinsaturados con al menos dos, tres, cuatro, cinco o seis, preferentemente cinco o seis dobles enlaces, ventajosamente se aíslan en forma de sus diacilglicéridos, triacilglicéridos y/o en forma de la fosfatidilcolina, de manera especialmente preferente en forma de los triacilglicéridos. Además de estos ésteres están contenidos en los organismos, ventajosamente en las plantas, los ácidos grasos poliinsaturados también como ácidos grasos libres o unidos en otros compuestos. Por regla general, los diferentes compuestos mencionados anteriormente (ésteres de ácidos grasos y ácidos grasos libres) están presentes en los organismos en una distribución aproximada del 80 % al 90 % en peso de triglicéridos, del 2 % al 5 % en peso de diglicéridos, del 5 % al 10 % en peso de monoglicéridos, del 1 % al 5 % en peso de ácidos grasos libres, del 2 % al 8 % en peso de fosfolípidos, complementándose la suma de los diferentes compuestos para dar el 100 % en peso.

En el procedimiento de acuerdo con la invención se preparan los LCPUFAs producidos con un contenido de al menos el 3 % en peso, ventajosamente de al menos el 5 % en peso, preferentemente de al menos el 8 % en peso, de manera especialmente preferente de al menos el 10 % en peso, de manera muy especialmente preferente de al menos el 15 % en peso, con respecto a los ácidos grasos totales en los organismos transgénicos, ventajosamente en una planta transgénica. A este respecto se convierten ventajosamente los ácidos grasos C_{18} y/o C_{20}, que están presentes en los organismos huéspedes, en al menos el 10 %, ventajosamente en al menos el 20 %, de manera especialmente ventajosa en al menos el 30 %, de manera muy especialmente ventajosa en al menos el 40 % en los correspondientes productos tales como DPA o DHA, por mencionar solo dos a modo de ejemplo. Los ácidos grasos se preparan ventajosamente en forma unida. Con ayuda de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de acuerdo con la invención, estos ácidos grasos insaturados pueden llevarse a posición sn1, sn2 y/o sn3 de los triglicéridos preparados ventajosamente. Dado que en el procedimiento de acuerdo con la invención, partiendo de los compuestos de partida ácido linoleico ($C_{18:2}$) o ácido linolénico ($C_{18:3}$) se recorren varias etapas de reacción, no se producen los productos finales del procedimiento, tales como por ejemplo ácidos araquidónico (ARA), ácido eicosapentaenoico (EPA), ácido ω6-docosapentaenoico o DHA, como productos puros absolutos, estando contenidos siempre también pequeñas trazas de los precursores en el producto final. Si en el organismo de partida o en la planta de partida se encuentran, por ejemplo, tanto ácido linoléico como también ácido linolénico, entonces los productos finales tales como ARA, EPA o DHA se encuentran como mezclas. Ventajosamente, los precursores no debían ascender a más del 20 % en peso, preferentemente a no más del 15 % en peso, de manera especialmente preferente a no más del 10 % en peso, de manera muy especialmente preferente a no más del 5 % en peso, con respecto a la cantidad del producto final respectivo. Ventajosamente, en una planta transgénica se preparan como productos finales, en el procedimiento de acuerdo con la invención, solo ARA, EPA o solo DHA unidos o como ácidos libres. Si los compuestos ARA, EPA y DHA se preparan simultáneamente, se preparan éstos ventajosamente en una proporción de al menos 1:1:2 (EPA:ARA:DHA), ventajosamente de al menos 1:1:3, preferentemente de 1:1:4, de manera especialmente preferente de 1:1:5.

Los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos que se han preparado según el procedimiento de acuerdo con la invención contienen ventajosamente del 6 % al 15 % de ácido palmítico, del 1 % al 6 % de ácido esteárico; del 7 % al 85 % de ácido oleico; del 0,5 % al 8 % de ácido vaccénico, del 0,1 % al 1 % de ácido aráquico, del 7 % al 25 % de ácidos grasos saturados, del 8 % al 85 % de ácidos grasos monoinsaturados y del 60 % al 85 % de ácidos

grasos poliinsaturados, en cada caso con respecto al 100 % y con respecto al contenido total en ácidos grasos de los organismos. Como ácido graso poliinsaturado ventajoso, en los ésteres de ácidos grasos o en las mezclas de ácidos grasos está contenido preferentemente al menos el 0,1; 0,2; 0,3; 0,4; 0.5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 o el 1 % de ácido araquidónico con respecto al contenido total de ácidos grasos. Además, los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos que se han preparado según el procedimiento de acuerdo con la invención contienen ventajosamente ácidos grasos seleccionados del grupo de los ácidos grasos ácido erúcico (ácido 13-docosaenoico), ácido estercúlico (ácido 9,10-metilen-octadec-9-enoico), ácido malválico (ácido 8,9-metilen-heptadec-8-enoico), ácido chaulmoógrico (ácido ciclopenten-dodecanoico), ácido graso de furano (ácido 9,12-epoxi-octadeca-9,11-dienoico), ácido vernónico (ácido 9,10-epoxioctadec-12-enoico), ácido tarírico (ácido 6-octadecinoico), ácido 6-nonadecinoico, ácido santálbico (ácido t11-octadecen-9-inoico), ácido 6,9-octadeceninoico, ácido pirúlico (ácido t10-heptadecen-8-inoico), ácido crepenínico (ácido 9-octadecen-12-inoico), ácido 13,14-dihidrooroféico, ácido octadecen-13-ene-9,11-diinoico, ácido petroselénico (ácido cis-6-octadecenoico), ácido 9c,12t-octadecadienoico, ácido calendúlico (ácido 8t10t12c-octadecatrienoico), ácido catálpico (ácido 9t11t13c-octadecatrienoico), ácido eleoesteárico (ácido 9c11t13t-octadecatrienoico), ácido jacárico (ácido 8c10t12c-octadecatrienoico), ácido pucínico (ácido 9c11t13c-octadecatrienoico), ácido parinárico (ácido 9c11t13t15c-octadecatetraenoico), ácido pinolénico (ácido todo-cis-5,9,12-octadecatrienoico), ácido labalénico (ácido 5,6-octadecadienalénico), ácido ricinoleico (ácido 12-hidroxioleico) y/o ácido coriólico (ácido 13-hidroxi-9c,11t-octadecadienoico). Los ácidos grasos mencionados anteriormente se encuentran en los ésteres de ácidos grasos o en las mezclas de ácidos grasos preparados según el procedimiento de acuerdo con la invención por regla general ventajosamente solo en trazas, es decir éstos se encuentran con respecto a los ácidos grasos totales en menos del 30 %, preferentemente en menos del 25 %, 24 %, 23 %, 22 % o 21 %, de manera especialmente preferente en menos del 20 %, 15 %, 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 % o 5 %, de manera muy especialmente preferente en menos del 4 %, 3 %, 2 % o 1 %. En otra forma preferente de la invención se encuentran estos ácidos grasos mencionados anteriormente con respecto a los ácidos grasos totales en menos del 0,9 %; 0,8 %; 0,7 %; 0,6 %; o 0,5 %, de manera especialmente preferente en menos del 0,4 %; 0,3 %; 0,2 %; 0,1 %. Ventajosamente, los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos preparados según el procedimiento de acuerdo con la invención no contienen o contienen menos del 0,1 % con respecto a los ácidos grasos totales de ácido butírico, de colesterol, de ácido clupanodónico (= ácido docosapentaenoico, $C_{22:5}^{\Delta 4,8,12,15,21}$) así como de ácido nisínico (ácido tetracosahexaenoico, $C_{23:6}^{\Delta 3,8,12,15,18,21}$).

Mediante las secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención o las secuencias de ácido nucleico usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención puede conseguirse un aumento del rendimiento de ácidos grasos poliinsaturados de al menos el 50 %, ventajosamente de al menos el 80 %, de manera especialmente ventajosa de al menos el 100 %, de manera muy especialmente ventajosa de al menos el 150 % frente al organismo de partida no transgénico, por ejemplo una levadura, un alga, un hongo o una planta tal como Arabidopsis o lino, al compararse en el análisis de CG, véanse los ejemplos.

Los ácidos grasos poliinsaturados químicamente puros también pueden sintetizarse según los procedimientos descritos anteriormente. Para ello, los ácidos grasos o las composiciones de ácidos grasos se aíslan del organismo no humano, tal como los microorganismos o las plantas o el medio de cultivo, en el cual o sobre el cual se cultivaron los organismos, o del organismo y del medio de cultivo de manera conocida, por ejemplo mediante extracción, destilación, cristalización, cromatografía o combinaciones de estos procedimientos. Estos ácidos grasos químicamente puros o composiciones de ácidos grasos son ventajosos para aplicaciones en el sector de la industria alimenticia, de la industria cosmética y especialmente de la industria farmacéutica.

Como organismo para la preparación en el procedimiento de acuerdo con la invención se tienen en consideración en principio todos los organismos no humanos tal como microorganismos, animales no humanos o plantas.

Como plantas se tienen en cuenta en principio todas las plantas que pueden sintetizar ácidos grasos, tales como todas las plantas dicotiledóneas o monocotiledóneas, algas o musgo. Las plantas se seleccionan ventajosamente del grupo de las familias vegetales Adelotheciaceae, Anacardiaceae, Asteraceae, Apiaceae, Betulaceae, Boraginaceae, Brassicaceae, Bromeliaceae, Caricaceae, Cannabaceae, Convolvulaceae, Chenopodiaceae, Crypthecodiniaceae, Cucurbitaceae, Ditrichaceae, Elaeagnaceae, Ericaceae, Euforbiaceae, Fabaceae, Geraniaceae, Gramineae, Juglandaceae, Lauraceae, Leguminosae, Linaceae, Euglenaceae, Prasinophyceae o plantas de hortalizas o plantas ornamentales tales como clavelón.

A modo de ejemplo se mencionan las siguiente plantas seleccionadas del grupo: Adelotheciaceae tal como los géneros Physcomitrella, por ejemplo el género y especies *Physcomitrella patens*, Anacardiaceae tal como los géneros Pistacia, Mangifera, Anacardium por ejemplo el género y especies *Pistacia vera* [pistacho], *Mangifer indica* [mango] o *Anacardium occidentale* [anacardo], Asteraceae tal como los géneros Calendula, Carthamus, Centaurea, Cichorium, Cynara, Helianthus, Lactuca, Locusta, Tagetes, Valeriana por ejemplo el género y especies *Calendula officinalis* [caléndulas de jardín], *Carthamus tinctorius* [cártamo, *safflower*], *Centaurea cyanus* [aciano], *Cichorium intybus* [achicoria], *Cynara scolymus* [alcachofa], *Helianthus annus* [girasol], *Lactuca sativa*, *Lactuca crispa*, *Lactuca esculenta*, *Lactuca seariola L.* ssp. *sativa*, *Lactuca scatiola L.* var. *integrata*, *Lactuca scariola L.* var. *integrifolia*, *Lactuca sativa* subsp. *romana*, *Locusta communis*, *Valeriana locusta* [lechuga], *Tagetes lucida*, *Tagetes erecta* o *Tagetes tenuifolia* [damasquina], Apiaceae tal como el género Daucus por ejemplo el género y especie *Daucus carota* [zanahoria], Betulaceae tal como el género Corylus por ejemplo los géneros y especies *Corylus avellana* o *Corylus columa* [avellana], Boraginaceae tal como el género Borago por ejemplo el género y especie *Borago*

officinalis [borraja], Brassicaceae tal como los géneros Brassica, Camelina, Melanosinapis, Sinapis, Arabadopsis por ejemplo los géneros y especies *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. [colza], *Sinapis arvensis Brassica juncea*, *Brassica juncea* var. *juncea*, *Brassica juncea* var. *crispifolia*, *Brassica juncea* var. *foliosa*, *Brassica nigra*, *Brassica sinapioides*, *Camelina sativa*, *Melanosinapis communis* [mostaza], *Brassica oleracea* [remolacha forrajera] o *Arabidopsis thaliana*, Bromeliaceae tal como los géneros Anana, Bromelia (piña) por ejemplo los géneros y especies *Anana comosus*, *Ananas ananas* o *Bromelia comosa* [piña], Caricaceae tal como el género Carica tal como el género y especie *Carica papaya* [papaya], Cannabaceae tal como el género Cannabis tal como el género y especie *Cannabis sative* [cáñamo], Convolvulaceae tal como los géneros Ipomea, Convolvulus por ejemplo los géneros y especies *Ipomoea batatus*, *Ipomoea pandurata*, *Convolvulus batatas*, *Convolvulus tiliaceus*, *Ipomoea fastigiata*, *Ipomoea tiliacea*, *Ipomoea triloba* o *Convolvulus panduratus* [patata dulce, batata], Chenopodiaceae tal como el género Beta tal como los géneros y especies *Beta vulgaris*, *Beta vulgaris* var. *altissima*, *Beta vulgaris* var. *Vulgaris*, *Beta maritima*, *Beta vulgaris* var. *perennis*, *Beta vulgaris* var. *conditiva* o *Beta vulgaris* var. *esculenta* [remolacha azucarera], Crypthecodiniaceae tal como el género Crypthecodinium, por ejemplo el género y especie *Cryptecodinium cohnii*, Cucurbitaceae tal como el género Cucubita por ejemplo los géneros y especies *Cucurbita maxima*, *Cucurbita mixta*, *Cucurbita pepo* o *Cucurbita moschata* [calabaza], Cymbellaceae tal como los géneros Amphora, Cymbella, Okedenia, Phaeodactylum, Reimeria por ejemplo el género y especie *Phaeodactylum tricomutum*, Ditrichaceae tal como los géneros Ditrichaceae, Astomiopsis, Ceratodon, Chrysoblastella, Ditrichum, Distichium, Eccremidium, Lophidion, Philibertiella, Pleuridium, Saelania, Trichodon, Skottsbergia por ejemplo los géneros y especies *Ceratodon antarcticus*, *Ceratodon columbiae*, *Ceratodon heterophyllus*, *Ceratodon purpurascens*, *Ceratodon purpureus*, *Ceratodon purpureus* ssp. *convolutus*, *Ceratodon purpureus* ssp. *stenocarpus*, *Ceratodon purpureus* var. *rotundifolius*, *Ceratodon ratodon*, *Ceratodon stenocarpus*, *Chrysoblastella chilensis*, *Ditrichum ambiguum*, *Ditrichum brevisetum*, *Ditrichum crispatissimum*, *Ditrichum difficile*, *Difrichum falcifolium*, *Ditrichum flexicaule*, *Ditrichum giganteum*, *Ditrichum heteromallum*, *Ditrichum lineare*, *Ditrichum lineare*, *Ditrichum montanum*, *Ditrichum montanum*, *Ditrichum pallidum*, *Ditrichum punctulatum*, *Ditrichum pusillum*, *Ditrichum pusillum* var. *tortile*, *Ditrichum rhynchostegium*, *Ditrichum schimperi*, *Ditrichum tortile*, *Distichium capillaceum*, *Distichium hagenii*, *Distichium inclinatum*, *Distichium macounii*, *Eccremidium floridanum*, *Eccremidium whiteleggei*, *Lophidion sfrictus*, *Pleuridium acuminatum*, *Pleuridium alternifolium*, *Pleuridium holdridgei*, *Pleuridium mexicanum*, *Pleuridium ravenelii*, *Pleuridium subulatum*, *Saelania glaucescens*, *Trichodon borealis*, *Trichodon cylindricus* o *Trichodon cylindricus* var. *oblongus*, Elaeagnaceae tal como el género Elaeagnus por ejemplo el género y especie Olea europaea [olivo], Ericaceae tal como el género Kalmia por ejemplo los géneros y especies *Kalmia latifolia*, *Kalmia angustifolia*, *Kalmia microphylla*, *Kalmia polifolia*, *Kalmia occidentalis*, *Cistus chamaerhodendros* o *Kalmia lucida* [laurel de montaña], Euglenaceae tal como los géneros Ascoglena, Astasia, Colacium, Cyclidiopsis, Euglena, Euglenopsis, Hyalaphacus, Khawkinea, Lepocinclis, Phacus, Strombomonas, Trachelomonas por ejemplo el género y especie *Euglena gracilis*; Euphorbiaceae tal como los géneros Manihot, Janipha, Jatropha, Ricinus por ejemplo los géneros y especies *Manihot utilissima*, *Janipha manihot*, *Jatropha manihot.*, *Manihot aipil*, *Manihot dulcis*, *Manihot manihot*, *Manihot melanobasis*, *Manihot esculenta* [yuca] o *Ricinus communis* [ricino], Fabaceae tal como los géneros Pisum, Albizia, Cathormion, Feuillea, Inga, Pithecolobium, Acacia, Mimosa, Medicajo, Glycine, Dolichos, Phaseolus, Soja por ejemplo los géneros y especies *Pisum sativum*, *Pisum arvense*, *Pisum humile* [guisantes], *Albizia berteriana*, *Albizia julibrissin*, *Albizia lebbeck*, *Acacia berteriana*, *Acacia littoralis*, *Albizia berteriana*, *Albizzia berteriana*, *Cathormion berteriana*, *Feuillea berteriana*, *Inga fragrans*, *Pithecellobium berterianum*, *Pithecellobium fragrans*, *Pithecolobium berterianum*, *Pseudalbizzia berteriana*, *Acacia julibrissin*, *Acacia nemu*, *Albizia nemu*, *Feuilleea julibrissin*, *Mimosa julibrissin*, *Mimosa speciosa*, *Sericanrda julibrissin*, *Acacia lebbeck*, *Acacia macrophylla*, *Albizia lebbek*, *Feuilleea lebbeck*, *Mimosa lebbeck*, *Mimosa speciosa* [árbol de la seda], *Medicago sativa*, *Medicago falcata*, *Medicago varia* [alfalfa], *Glycine max Dolichos soja*, *Glycine gracilis*, *Glycine hispida*, *Phaseolus max*, *Soja hispida* o *Soja max* [soja], Funariaceae tal como los géneros Aphanorrhegma, Entosthodon, Funaria, Physcomitrella, Physcomitrium por ejemplo los géneros y especies *Aphanorrhegma serratum*, *Entosthodon attenuatus*, *Entosthodon bolanderi*, *Entosthodon bonplandii*, *Entosthodon californicus*, *Entosthodon drummondii*, *Entosthodon jamesonii*, *Entosthodon leibergii*, *Entosthodon neoscoticus*, *Entosthodon rubrisetus*, *Entosthodon spathulifolius*, *Entosthodon tucsoni*, *Funaria americana*, *Funaria bolanderi*, *Funaria calcarea*, *Funaria californica*, *Funaria calvescens*, *Funaria convoluta*, *Funaria flavicans*, *Funaria groutiana*, *Funaria hygrometrica*, *Funaria hygrometrica* var. *arctica*, *Funaria hygrometrica* var. *calvescens*, *Funaria hygrometrica* var. *convoluta*, *Funaria hygrometrica* var. *muralis*, *Funaria hygrometrica* var. *utahensis*, *Funaria microstoma*, *Funaria microstoma* var. *obtusifolia*, *Funaria muhlenbergii*, *Funaria orcuttii*, *Funaria plano-convexa*, *Funaria polaris*, *Funaria ravenelii*, *Funaria rubriseta*, *Funaria serrata*, *Funaria sonorae*, *Funaria sublimbatus*, *Funaria tucsoni*, *Physcomitrella californica*, *Physcomitrella patens*, *Physcomitrella readeri*, *Physcomitrium australe*, *Physcomitrium californicum*, *Physcomitrium collenchymatum*, *Physcomitrium coloradense*, *Physcomitrium cupuliferum*, *Physcomitrium drummondii*, *Physcomitrium eurystomum*, *Physcomitrium flexifolium*, *Physcomitrium hookeri*, *Physcomitrium hookeri* var. *serratum*, *Physcomitrium immersum*, *Physcomitrium kellermanii*, *Physcomitrium megalocarpum*, *Physcomitrium pyriforme*, *Physcomitrium pyriforme* var. *serratum*, *Physcomitrium rufipes*, *Physcomitrium sandbergii*, *Physcomitrium subsphaericum*, *Physcomitrium washingtoniense*, Geraniaceae tal como los géneros Pelargonium, Cocos, Oleum por ejemplo los géneros y especies *Cocos nucifera*, *Pelargonium grossularioides* o *Oleum cocois* [coco], Gramineae tal como el género Saccharum por ejemplo el género y especie *Saccharum officinarum*, Juglandaceae tal como los géneros Juglans, Wallia por ejemplo los géneros y especies *Juglans regia*, *Juglans ailanthifolia*, *Juglans sieboldiana*, *Juglans cinerea*, *Wallia cinerea*, *Juglans bixbyi*, *Juglans californica*, *Juglans hindsii*, *Juglans intermedia*, *Juglans jamaicensis*, *Juglans major*, *Juglans microcarpa*, *Juglans nigra* o *Wallia nigra* [nogal], Lauraceae Tal como los géneros Persea, Laurus por ejemplo los géneros y especies *Laurus nobilis* [laurel], *Persea americana*, *Persea gratissima* o *Persea persea* [aguacate],

Leguminosae tal como el género Arachis por ejemplo el género y especie *Arachis hypogaea* [cacahuete], Linaceae tal como los géneros Linum, Adenolinum por ejemplo los géneros y especies *Linum usitatissimum*, *Linum humile*, *Linum austriacum*, *Linum bienne*, *Linum angustifolium*, *Linum catharticum*, *Linum flavum*, *Linum grandiflorum*, *Adenolinum grandiflorum*, *Linum lewisii*, *Linum narbonense*, *Linum perenne*, *Linum perenne* var. *lewisii*, *Linum pratense o Linum trigynum* [lino], Lythrarieae tal como el género Punica por ejemplo el género y especie *Punica granatum* [granada], Malvaceae tal como el género Gossypium por ejemplo los géneros y especies *Gossypium hirsutum*, *Gossypium arboreum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium herbaceum* o *Gossypium thurberi* [algodón], Marchantiaceae tal como el género Marchantia por ejemplo los géneros y especies *Marchantia berteroana*, *Marchantia foliacea*, *Marchantia macropora*, Musaceae tal como el género Musa por ejemplo los géneros y especies *Musa nana*, *Musa acuminata*, *Musa paradisiaca*, *Musa* spp. [banana], Onagraceae tal como los géneros Camissonia, Oenothera por ejemplo los géneros y especies *Oenothera biennis* o *Camissonia brevipes* [onagra], Palmae tal como el género Elacis por ejemplo el género y especie *Elaeis guineensis* [palma oleífera], Papaveraceae tal como el género Papaver por ejemplo los géneros y especies *Papaver orientale*, *Papaver rhoeas*, *Papaver dubium* [amapola], Pedaliaceae tal como el género Sesamum por ejemplo el género y especie *Sesamum indicum* [sésamo], Piperaceae tal como los géneros Piper, Artanthe, Peperomia, Steffensia por ejemplo los géneros y especies *Piper aduncum*, *Piper amalago*, *Piper angustifolium*, *Piper auritum*, *Piper betel*, *Piper cubeba*, *Piper longum*, *Piper nigrum*, *Piper retrofractum*, *Artanthe adunca*, *Artanthe elongata*, *Peperomia elongata*, *Piper elongatum*, *Steffensia elongata*. [pimienta de cayena], Poaceae tal como los géneros Hordeum, Secale, Avena, Sorghum, Andropogon, Holcus, Panicum, Oryza, Zea (maíz), Triticum por ejemplo los géneros y especies *Hordeum vulgare*, *Hordeum jubatum*, *Hordeum murinum*, *Hordeum secalinum*, *Hordeum distichon*, *Hordeum aegiceras*, *Hordeum hexastichon*, *Hordeum hexastichum*, *Hordeum irregulare*, *Hordeum sativum*, *Hordeum secalinum* [cebada], *Secale cereale* [centeno], *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida* [avena], *Sorghum bicolor*, *Sorghum halepense*, *Sorghum saccharatum*, *Sorghum vulgare*, *Andropogon drummondii*, *Holcus bicolor*, *Holcus sorghum*, *Sorghum aethiopicum*, *Sorghum arundinaceum*, *Sorghum caffrorum*, *Sorghum cernuum*, *Sorghum dochna*, *Sorghum drummondii*, *Sorghum durra*, *Sorghum guineense*, *Sorghum lanceolatum*, *Sorghum nervosum*, *Sorghum saccharatum*, *Sorghum subglabrescens*, *Sorghum verticilliflorum*, *Sorghum vulgare*, *Holcus halepensis*, *Sorghum miliaceum*, *Panicum militaceum* [mijo], *Oryza sativa*, *Oryza latifolia* [arroz], *Zea mays* [maíz], *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum* o *Triticum vulgare* [trigo], Porphyridiaceae tal como los géneros Chroothece, Flintiella, Petrovanella, Porphyridium, Rhodella, Rhodosorus, Vanhoeffenia por ejemplo el género y especie *Porphyridium cruentum*, Proteaceae tal como el género Macadamia, por ejemplo el género y especie *Macadamia intergrifolia* [macadamia], Prasinophyceae tal como los géneros Nephroselmis, Prasinococcus, Scherffelia, Tetraselmis, Mantoniella, Ostreococcus por ejemplo los géneros y especies *Nephroselmis olivacea*, *Prasinococcus capsulatus*, *Scherffelia*, *dubia*, *Tetraselmis chui*, *Tetraselmis suecica*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus tauri*, Rubiaceae tal como el género Coffea por ejemplo los géneros y especies *Cofea* spp., *Coffea arabica*, *Coffea canephora* o *Coffea liberica* [café], Scrophulariaceae tal como el género Verbascum por ejemplo los géneros y especies *Verbascum blattaria*, *Verbascum chaixii*, *Verbascum densiflorum*, *Verbascum lagurus*, *Verbascum longifolium*, *Verbascum lychnitis*, *Verbascum nigrum*, *Verbascum olympicum*, *Verbascum phlomoides*, *Verbascum phoenicum*, *Verbascum pulverulentum o Verbascum thapsus* [candelaria], Solanaceae tal como los géneros Capsicum, Nicotiana, Solanum, Lycopersicon, por ejemplo los géneros y especies *Capsicum annuum*, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*, *Capsicum frutescens* [pimienta], *Capsicum annuum* [pimiento], *Nicotiana tabacum*, *Nicotiana alata*, *Nicotiana attenuata*, *Nicotiana glauca*, *Nicotiana langsdorffii*, *Nicotiana obtusifolia*, *Nicotiana quadrivalvis*, *Nicotiana repanda*, *Nicotiana rustica*, *Nicotiana sylvestris* [tabaco], *Solanum tuberosum* [patata], *Solanum melongena* [berenjena] *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum.*, *Lycopersicon pyriforme*, *Solanum integrifolium* o *Solanum lycopersicum* [tomate], Sterculiaceae tal como el género Theobroma por ejemplo el género y especie *Theobroma cacao* [cacao] o Theaceae tal como el género Camellia por ejemplo el género y especie *Camellia sinensis* [té].

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

A modo de ejemplo se mencionan los siguientes microorganismos seleccionados del grupo: Choanephoraceae tal como los géneros Blakeslea, Choanephora por ejemplo los géneros y especies *Blakeslea trispora*, *Choanephora cucurbitarum*, *Choanephora infundibulifera* var. *cucurbitarum*, Mortierellaceae tal como el género Mortierella, por ejemplo los géneros y especies *Mortierella isabellina*, *Mortierella polycephala* , *Mortierella ramanniana* , *Mortierella vinacea*, *Mortierella zonata*, Pythiaceae tal como los géneros Phytium, Phytophthora por ejemplo los géneros y especies *Pythium debaryanum*, *Pythium infermedium*, *Pythium irregulare*, *Pythium megalacanthum*, *Pythium paroecandrum*, *Pythium sylvaticum*, *Pythium ultimum*, *Phytophthora cactorum*, *Phytophthora cinnamomi*, *Phytophthora citricola*, *Phytophthora citrophthora*, *Phytophthora cryptogea*, *Phytophthora drechsleri*, *Phytophthora erythroseptica*, *Phytophthora lateralis*, *Phytophthora megasperma*, *Phytophthora nicotianae*, *Phytophthora nicotianae* var. *parasitica*, *Phytophthora palmivora*, *Phytophthora parasitica*, *Phytophthora syringae*, Saccharomycetaceae tal como los géneros Hansenula, Pichia, Saccharomyces, Saccharomycodes, Yarrowia por ejemplo los géneros y especies *Hansenula anomala*, *Hansenula californica*, *Hansenula canadensis*, *Hansenula capsulata*, *Hansenula eiferrii*, *Hansenula glucozyma*, *Hansenula henricii*, *Hansenula holstii*, *Hansenula minuta*, *Hansenula nonfermentans*, *Hansenula philodendri*, *Hansenula polymorpha*, *Hansenula saturnus*, *Hansenula subpelliculosa*, *Hansenula*

wickerhamii, *Hansenula wingei*, *Pichia alcoholophila*, *Pichia angusta*, *Pichia anomala*, *Pichia bispora*, *Pichia burtonii*, *Pichia canadensis*, *Pichia capsulata*, *Pichia carsonii*, *Pichia cellobiosa*, *Pichia ciferrii*, *Pichia farinosa*, *Pichia fermentans*, *Pichia finlandica*, *Pichia glucozyma*, *Pichia guilliermondii*, *Pichia haplophila*, *Pichia henricii*, *Pichia holstii*, *Pichia jadinii*, *Pichia lindnerii*, *Pichia membranaefaciens*, *Pichia methanolica*, *Pichia minuta* var. *minuta*, *Pichia minuta* var. *nonfermentans*, *Pichia norvegensis*, *Pichia ohmeri*, *Pichia pastoris*, *Pichia philodendri*, *Pichia pini*, *Pichia polymorpha*, *Pichia quercuum*, *Pichia rhodanensis*, *Pichia sargentensis*, *Pichia stipifis*, *Pichia strasburgensis*, *Pichia subpelliculosa*, *Pichia toletana*, *Pichia trehalophila*, *Pichia vini*, *Pichia xylosa*, *Saccharomyces aceti*, *Saccharomyces bailii*, *Saccharomyces bayanus*, *Saccharomyces bisporus*, *Saccharomyces capensis*, *Saccharomyces carlsbergensis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces cerevisiae* var. *ellipsoideus*, *Saccharomyces chevalieri*, *Saccharomyces delbrueckii*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces drosophilarum*, *Saccharomyces elegans*, *Saccharomyces ellipsoideus*, *Saccharomyces fermentati*, *Saccharomyces florentinus*, *Saccharomyces fragilis*, *Saccharomyces heterogenicus*, *Saccharomyces hienipiensis*, *Saccharomyces inusitatus*, *Saccharomyces italicus*, *Saccharomyces kluyveri*, *Saccharomyces krusei*, *Saccharomyces lactis*, *Saccharomyces marxianus*, *Saccharomyces microellipsoides*, *Saccharomyces montanus*, *Saccharomyces norbensis*, *Saccharomyces oleaceus*, *Saccharomyces paradoxus*, *Saccharomyces pastorianus*, *Saccharomyces pretoriensis*, *Saccharomyces rosei*, *Saccharomyces rouxii*, *Saccharomyces uvarum*, *Saccharomycodes ludwigii*, *Yarrowia lipolytica*, Schizosacharomycetaceae tal como el género Schizosaccharomyces, por ejemplo la especie *Schizosaccharomyces japonicus* var. *japonicus*, *Schizosaccharomyces japonicus* var. *versatilis*, *Schizosaccharomyces malidevorans*, *Schizosaccharomyces octosporus*, *Schizosaccharomyces pombe* var. *malidevorans*, *Schizosaccharomyces pombe* var. *pombe*, Thraustochytriaceae tal como los géneros Althornia, Aplanochytrium, Japonochytrium, Schizochytrium, Thraustochytrium, por ejemplo las especies *Schizochytrium aggregatum*, *Schizochytrium limacinum*, *Schizochytrium mangrovei*, *Schizochytrium minutum*, *Schizochytrium octosporum*, *Thraustochytrium aggregatum*, *Thraustochytrium amoeboideum*, *Thraustochytrium antacticum*, *Thraustochytrium arudimentale*, *Thraustochytrium aureum*, *Thraustochytrium benthicola*, *Thrausfochytrium globosum*, *Thraustochytrium indicum*, *Thraustochytrium kerguelense*, *Thraustochytrium kinnei*, *Thraustochytrium motivum*, *Thraustochytrium multirudimentale*, *Thraustochytrium pachydermum*, *Thraustochytrium proliferum*, *Thraustochytrium roseum*, *Thraustochytrium rossii*, *Thraustochytrium striatum* o *Thraustochytrium visurgense*.

Otros microorganismos ventajosos son por ejemplo bacterias seleccionadas del grupo de las familias Bacillaceae, Enterobacteriacae o Rhizobiaceae.

A modo de ejemplo se mencionan los siguientes microorganismos seleccionados del grupo: Bacillaceae tal como el género Bacillus, por ejemplo los géneros y especies *Bacillus acidocaldarius*, *Bacillus acidoterrestris*, *Bacillus alcalophilus*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus amylolyticus*, *Bacillus brevis*, *Bacillus cereus*, *Bacillus circulans*, *Bacillus coagulans*, *Bacillus sphaericus* subsp. *fusiformis*, *Bacillus galactophilus*, *Bacillus globisporus*, *Bacillus globisporus* subsp. *marinus*, *Bacillus halophilus*, *Bacillus lentimorbus*, *Bacillus lentus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus polymyxa*, *Bacillus psychrosaccharolyticus*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis* subsp. *spizizenii*, *Bacillus subtilis* subsp. *subtilis* o *Bacillus thuringiensis*; Enterobacteriacae tal como los géneros Citrobacter, Edwardsiella, Enterobacter, Erwinia, Escherichia, Klebsiella, Salmonella o Serratia, por ejemplo los géneros y especies *Citrobacter amalonaticus*, *Citrobacter diversus*, *Citrobacter freundii*, *Citrobacter genomospecies*, *Citrobacter gillenii*, *Citrobacter intermedium*, *Citrobacter koseri*, *Citrobacter murliniae*, *Citrobacter* sp., *Edwardsiella hoshinae*, *Edwardsiella ictaluri*, *Edwardsiella tarda*, *Erwinia alni*, *Erwinia amylovora*, *Erwinia ananatis*, *Erwinia aphidicola*, *Erwinia billingiae*, *Erwinia cacticida*, *Erwinia cancerogena*, *Erwinia carnegieana*, *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica*, *Erwinia carotovora* subsp. *betavasculorum*, *Erwinia carotovora* subsp. *odorifera*, *Erwinia carotovora* subsp. *wasabiae*, *Erwinia chrysanthemi*, *Erwinia cypripedii*, *Erwinia dissolvens*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia mallotivora*, *Erwinia milletiae*, *Erwinia nigrifluens*, *Erwinia nimipressuralis*, *Erwinia persicina*, *Erwinia psidii*, *Erwinia pyrifoliae*, *Erwinia quercina*, *Erwinia rhapontici*, *Erwinia rubrifaciens*, *Erwinia salicis*, *Erwinia stewartii*, *Erwinia tracheiphila*, *Erwinia uredovora*, *Escherichia adecarboxylata*, *Escherichia anindolica*, *Escherichia aurescens*, *Escherichia blattae*, *Escherichia coli*, *Escherichia coli* var. *communior*, *Escherichia coli-mutabile*, *Escherichia fergusonii*, *Escherichia hermannii*, *Escherichia* sp., *Escherichia vulneris*, *Klebsiella aerogenes*, *Klebsiella edwardsii* subsp. *atlantae*, *Klebsiella ornithinolytica*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella planticola*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella pneumoniae* subsp. *pneumoniae*, *Klebsiella* sp., *Klebsiella terrigena*, *Klebsiella trevisanii*, *Salmonella abony*, *Salmonella arizonae*, *Salmonella bongori*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *arizonae*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *bongori*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *cholereasuis*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *diarizonae*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *houtenae*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *indica*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *salamae*, *Salmonella daressalaam*, *Salmonella enterica* subsp. *houtenae*, *Salmonella enterica* subsp. *salamae*, *Salmonella enteritidis*, *Salmonella gallinarum*, *Salmonella heidelberg*, *Salmonella panama*, *Salmonella senftenberg*, *Salmonella typhimurium*, *Serratia entomophila*, *Serratia fcaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*, *Serratia liquefaciens*, *Serratia marcescens*, *Serratia marcescens* subsp. *marcescens*, *Serratia marinorubra*, *Serratia odorifera*, *Serratia plymouthensis*, *Serratia plymuthica*, *Serratia proteamaculans*, *Serratia proteamaculans* subsp. *quinovora*, *Serratia quinivorans* o *Serratia rubidaea*; Rhizobiaceae tal como los géneros Agrobacterium, Carbophilus, Chelatobacter, Ensifer, Rhizobium, Sinorhizobium, por ejemplo los géneros y especies *Agrobacterium atlanticum*, *Agrobacterium ferrugineum*, *Agrobacterium gelatinovorum*, *Agrobacterium larrymoorei*, *Agrobacterium meteori*, *Agrobacterium radiobacter*, *Agrobacterium rhizogenes*, *Agrobacterium rubi*, *Agrobacterium stellulatum*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Agrobacterium vitis*, *Carbophilus carboxidus*, *Chelatobacter heintzii*, *Ensifer adhaerens*, *Ensifer arboris*, *Ensifer fredii*, *Ensifer kostiensis*, *Ensifer kummerowiae*, *Ensifer medicae*, *Ensifer meliloti*, *Ensifer saheli*, *Ensifer terangae*, *Ensifer*

xinjiangensis, *Rhizobium ciceri*, *Rhizobium etli*, *Rhizobium fredii*, *Rhizobium galegae*, *Rhizobium gallicum*, *Rhizobium giardinii, Rhizobium hainanense, Rhizobium huakuii, Rhizobium huautlense, Rhizobium indigoferae, Rhizobium japonicum, Rhizobium leguminosarum, Rhizobium loessense, Rhizobium loti, Rhizobium lupini, Rhizobium mediterraneum, Rhizobium meliloti, Rhizobium mongolense, Rhizobium phaseoli, Rhizobium radiobacter, Rhizobium rhizogenes, Rhizobium rubi, Rhizobium sullae, Rhizobium tianshanense, Rhizobium trifolii, Rhizobium tropici, Rhizobium undicola, Rhizobium vitis, Sinorhizobium adhaerens, Sinorhizobium arboris, Sinorhizobium fredii, Sinorhizobium kostiense, Sinorhizobium kummerowiae, Sinorhizobium medicae, Sinorhizobium meliloti, Sinorhizobium morelense, Sinorhizobium saheli* o *Sinorhizobium xinjiangense*.

Otros microorganismos ventajosos para el procedimiento de acuerdo con la invención son por ejemplo protistos o diatomeas seleccionados del grupo de las familias Dinophyceae, Turaniellidae o Oxytrichidae tal como los géneros y especies: *Crypthecodinium cohnii*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Stylonychia mytilus*, *Stylonychia pustulata*, *Stylonychia putrina*, *Stylonychia notophora*, *Stylonychia* sp., *Colpidium campylum* o *Colpidium* sp.

Ventajosamente se usan en el procedimiento de acuerdo con la invención organismos no humanos transgénicos, tales como hongos tales como Mortierella o Thraustochitrium, levaduras tales como Saccharomyces o Schizosaccharomyces, musgos tales como Physcomitrella o Ceratodon, animales no humanos tales como Caenorhabditis, algas tales como Crypthecodinium o Phaeodactilum o plantas tales como las plantas dicotiledóneas o monocotiledóneas. De manera especialmente ventajosa, en el procedimiento de acuerdo con la invención se usan organismos que pertenecen a los organismos que producen aceite, es decir los que se usan para la producción de aceites, tales como hongos tales como Mortierella o Thraustochitrium, algas tales como Nephroselmis, Pseudoscourfielda, Prasinococcus, Scherffelia, Tetraselmis, Mantoniella, Ostreococcus, Crypthecodinium, Phaeodactylum o plantas, en particular plantas, preferentemente plantas oleaginosas que contienen grandes cantidades de compuestos lipídicos, tales como cacahuete, colza, canola, girasol, cártamo (*Carthamus tinctoria*), amapola, mostaza, cáñamo, ricino, olivo, sésamo, caléndula, punica, onagra, verbasco, cardo, rosas silvestres, avellano, almendro, macadamia, aguacate, laurel, calabaza, lino, soja, pistacho, borraja, árboles (palma oleífera, coco o nogal) o cultivos tal como maíz, trigo, centeno, avena, triticale, arroz, cebada, algodón, yuca, pimienta, clavelón, plantas solanáceas tales como patata, tabaco, berenjena y tomate, especies Vicia, guisantes, alfalfa o plantas de arbustos (café, cacao, té), especies Salix y pastos perennes y plantas para forraje. Las plantas de acuerdo con la invención preferentes son plantas oleaginosas tales como cacahuete, colza, canola, girasol, cártamo, amapola, mostaza, cáñamo, ricino, olivo, caléndula, punica, onagra, calabaza, lino, soja, borraja, árboles (palma oleífera, coco). Se prefieren especialmente plantas ricas en ácidos grasos $C_{18:2}$ y/o $C_{18:3}$, tales como girasol, cártamo, tabaco, verbasco, sésamo, algodón, calabaza, amapola, onagra, nogal, lino, cáñamo, cardo o cártamo. Se prefieren muy especialmente plantas como cártamo, girasol, amapola, onagra, nogal, lino o cáñamo.

Para el procedimiento descrito de acuerdo con la invención es ventajoso introducir en el organismo de manera adicional a los ácidos nucleicos introducidos en la etapa de procedimiento (a) a (d) así como las secuencias de ácido nucleico introducidas eventualmente, que codifican las ω3-desaturasas, adicionalmente otros ácidos nucleicos que codifican enzimas del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos.

En principio pueden usarse todos los genes del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos ventajosamente en combinación con la (las) Δ6-elongasa(s) inventiva(s) [en el sentido de esta solicitud debe comprender el plural el singular y a la inversa] en el procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados. Ventajosamente se usan genes del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos seleccionados del grupo de acil-CoA-dehidrogenasa(s), acil-ACP [=proteína portadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasas, ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasas, lipoxigenasas, triacilglicerol-lipasas, óxido de aleno-sintasas, hidroperóxido-liasas o ácido graso-elongasa(s) en combinación con la Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o ω3-desaturasa. De manera especialmente preferente se usan genes seleccionados del grupo de las Δ4-desaturasas, Δ5-desaturasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ9-desaturasas, Δ12-desaturasas, Δ6-elongasas o Δ9-elongasas en combinación con los genes mencionados anteriormente para la Δ6-elongasa, pudiéndose usar genes individuales o varios genes en combinación.

Las Δ5-elongasas descritas tienen en comparación con las elongasas humanas o elongasas de animales no humanos, tal como aquéllas de Oncorhynchus, Xenopus o Ciona, la propiedad ventajosa de que no alargan ácidos grasos C_{22} para los correspondientes ácidos grasos C_{24}. Además, ventajosamente no convierten ácidos grasos con un doble enlace en la posición Δ6, tal como se convierten por las elongasas humanas o las elongasas de animales no humanos. Las Δ5-elongasas especialmente ventajosas convierten solo ácidos grasos C_{20} insaturados. Estas Δ5-elongasas ventajosas presentan algunas supuestas hélices transmembrana (5-7). Ventajosamente se convierten solo los ácidos grasos C_{20} con un doble enlace en la posición Δ5, prefiriéndose ácidos grasos ω3 C_{20} (EPA). Además tienen éstas en el mejor de los casos la propiedad de que además de la actividad Δ5-elongasa no presentan ventajosamente ninguna o solo una actividad Δ6-elongasa relativamente baja. A diferencia de esto, las elongasas humanas o elongasas de animal no humano presentan una actividad casi igual frente a ácidos grasos con un doble enlace en Δ6 o Δ5. Estas elongasas ventajosas se designan como las denominadas elongasas monofuncionales. Las elongasas humanas o las elongasas de animal no humano se designan en comparación con esto como elongasas multifuncionales que además de los sustratos mencionados anteriormente convierten también ácidos

grasos C_{16} y C_{18} monoinsaturados por ejemplo con doble enlace $\Delta 9$ o $\Delta 11$. Ventajosamente, las elongasas monofuncionales en un ensayo de alimentación de levadura, en el que se añadió como sustrato EPA a las levaduras, convierten al menos el 15 % en peso del EPA añadido para dar ácido docosapentaenoico (=DPA, $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$), ventajosamente al menos el 20 % en peso, de manera especialmente ventajosa al menos el 25 % en peso. Si como sustrato se añade ácido γ-linolénico (=GLA, $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$), entonces de manera ventajosa no se alarga éste en absoluto. Igualmente tampoco se alarga $C_{18:3}^{\Delta 5,9,12}$. En otra forma de realización ventajosa se convierte menos del 60 % en peso del GLA añadido para dar ácido dihomo-γ-linolénico ($C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$), ventajosamente menos del 55 % en peso, preferentemente menos del 50 % en peso, de manera especialmente ventajosa menos del 45 % en peso, de manera muy especialmente ventajosa menos del 40 % en peso. En una forma muy preferente de la actividad $\Delta 5$-elongasa no se convierte GLA.

Las figuras 27 y 28 reproducen las especificidades de sustrato medidas de las distintas elongasas. En la figura 27 están reproducidas las especificidades de las elongasas multifuncionales de *Xenopus laevis* (figura 27A), *Ciona intestinalis* (figura 27B) y *Oncorhynchus mykiss* (figura 27C). Todas estas elongasas convierten un amplio espectro de sustratos. Esto puede conducir en el procedimiento de acuerdo con la invención a productos secundarios que deben convertirse mediante otras actividades enzimáticas. Por tanto, estas enzimas se prefieren menos en el procedimiento de acuerdo con la invención. Las elongasas monofuncionales preferentes y su especificidad de sustrato se reproducen en la figura 28. La figura 28A muestra la especificidad de la $\Delta 5$-elongasa de *Ostreococcus tauri*. Ésta convierte solo ácidos grasos con un doble enlace en la posición $\Delta 5$. Ventajosamente se convierten solo ácidos grasos C_{20}. Una especificidad de sustrato igualmente alta la presenta la $\Delta 5$-elongasa de *Thalassiosira pseudonana* (figura 28C). Tanto la $\Delta 6$-elongasa de *Ostreococcus tauri* (figura 28B) como también la de *Thalassiosira pseudonana* (figura 28D) convierten ventajosamente solo ácidos grasos con un doble enlace en la posición $\Delta 6$. Ventajosamente se convierten solo ácidos grasos d_{18}. También las $\Delta 5$-elongasas de *Arabidopsis thaliana* y *Euglena gracilis* se caracterizan por su especificidad.

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

Las figuras 29 y 30 así como la tabla 18 reproducen las especificidades de sustrato medidas de las distintas elongasas.

La $\omega 3$-desaturasa divulgada, en comparación con las $\omega 3$-desaturasas conocidas, tiene la propiedad ventajosa de que puede desaturar un amplio espectro de ácidos grasos $\omega 6$, preferentemente se desaturan ácidos grasos C_{20} y C_{22} tales como ácidos grasos $C_{20:2}$, $C_{20:3}$, $C_{20:4}$, $C_{22:4}$ o $C_{22:5}$. Sin embargo también se desaturan bien los ácidos grasos C_{18} más cortos tales como ácidos grasos $C_{18:2}$ o $C_{18:3}$. Mediante estas propiedades de la $\omega 3$-desaturasa es posible desplazar el espectro de ácidos grasos dentro de un organismo, ventajosamente dentro de una planta o un hongo, desde los ácidos grasos $\omega 6$ hacia los ácidos grasos $\omega 3$. Preferentemente se desaturan por la $\omega 3$-desaturasa descrita ácidos grasos C_{20}. Dentro del organismo se convierten estos ácidos grasos de la fuente de ácidos grasos existente en al menos el 10 %, 15 %, 20 %, 25 % o el 30 % en los correspondientes ácidos grasos $\omega 3$. Frente a los ácidos grasos C_{18} presenta la $\omega 3$-desaturasa una actividad más baja en el factor 10, es decir se convierte solo aproximadamente del 1,5 % al 3 % de los ácidos grasos existentes en la fuente de ácidos grasos en los correspondientes ácidos grasos $\omega 3$. Un sustrato preferente de la $\omega 3$-desaturasa de acuerdo con la invención son los ácidos grasos $\omega 6$ unidos en fosfolípidos. La figura 19 muestra claramente en el ejemplo de la desaturación de ácido dihomo-γ-linolénico [$C_{20:4}^{\Delta 8,11,14}$], que la $\omega 3$-desaturasa en la desaturación no diferencia entre ácidos grasos unidos en posición sn1 o sn2. Se desaturan ácidos grasos unidos tanto en posición sn1 o sn2 en los fosfolípidos. Además es ventajoso que la $\omega 3$-desaturasa convierta una amplia paleta de fosfolípidos tales como fosfatidilcolina (= PC),

fosfatidilinositol (= PIS) o fosfatidiletanolamina (= PE). Finalmente también pueden encontrarse productos de desaturación en los lípidos neutrales (= NL), es decir en los triglicéridos.

Las Δ4-desaturasas, Δ5-desaturasas y Δ6-desaturasas descritas tienen en comparación con las Δ4-desaturasas, Δ5-desaturasas y Δ6-desaturasas conocidas la ventaja de que éstas pueden convertir ácidos grasos unidos a fosfolípidos o ésteres de CoA-ácido graso, ventajosamente ésteres de CoA-ácido graso.

Ventajosamente, las Δ12-desaturasas usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención convierten ácido oleico ($C_{18:1}^{\Delta 9}$) en ácido linoleico ($C_{18:2}^{\Delta 9,12}$) o $C_{18:2}^{\Delta 6,9}$ en $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$ (=GLA). Ventajosamente, las Δ12-desaturasas usadas convierten ácidos grasos unidos a fosfolípidos o ésteres de CoA-ácido graso, ventajosamente unidos a ésteres de CoA-ácido graso.

Debido a la actividad enzimática de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de acuerdo con la invención, que codifican polipéptidos con actividad Δ6-elongasa, ventajosamente en combinación con secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos tal como otros polipéptidos con actividad Δ4-, Δ5-, Δ6-, Δ8-, Δ12-desaturasa o actividad Δ5- o Δ9-elongasa, pueden prepararse en el procedimiento de acuerdo con la invención los más diversos ácidos grasos poliinsaturados. Según la elección de los organismos no humanos usados para el procedimiento de acuerdo con la invención, tal como las plantas ventajosas pueden prepararse mezclas de los diversos ácidos grasos poliinsaturados o ácidos grasos poliinsaturados individuales tales como EPA o ARA en forma libre o unida. Dependiendo de cuál composición de ácidos grasos predomina en la planta de partida (ácidos grasos $C_{18:2}$ o $C_{18:3}$) se producen así ácidos grasos que se derivan de ácidos grasos $C_{18:2}$, tales como GLA, DGLA o ARA, o que se derivan de ácidos grasos $C_{18:3}$, tales como SDA, ETA o EPA. Si en la planta usada para el procedimiento está presente como ácido graso insaturado solo ácido linoleico (=LA, $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$), entonces pueden producirse como productos del procedimiento solo GLA, DGLA y ARA, que pueden encontrarse como ácidos grasos libres o unidos. Si en la planta usada en el procedimiento está como ácido graso insaturado solo ácido α-linolénico (=ALA, $C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$), por ejemplo tal como en lino, entonces pueden producirse como productos del procedimiento solo SDA, ETA, EPA y/o DHA, que pueden encontrarse, tal como se ha descrito anteriormente, como ácidos grasos libres o unidos. Mediante modificación de la actividad de la enzima Δ6-elongasa involucrada en la síntesis ventajosamente en combinación con la Δ4-, Δ5-, Δ6-, Δ12-desaturasa y/o la Δ4-, Δ5-, Δ8-, Δ12-desaturasa, y/o Δ9-elongasa pueden prepararse de manera dirigida en los organismos mencionados anteriormente, ventajosamente en las plantas mencionadas anteriormente, solo productos individuales. Mediante la actividad de la Δ6-desaturasa y Δ6-elongasa se producen por ejemplo GLA y DGLA o SDA y ETA, dependiendo de la planta de partida y el ácido graso insaturado. Preferentemente se producen DGLA o ETA o sus mezclas. Si se introducen la Δ5-desaturasa, la Δ5-elongasa y la Δ4-desaturasa adicionalmente en los organismos, ventajosamente en la planta, entonces se producen adicionalmente ARA, EPA y/o DHA. Esto se aplica también para organismos en los que se ha introducido previamente la Δ8-desaturasa y Δ9-elongasa. Ventajosamente se sintetizan solo ARA, EPA o DHA o sus mezclas, dependiendo del ácido graso existente en el organismo o en la planta, que sirve como sustancia de partida para la síntesis. Puesto que se trata de cadenas de biosíntesis, los productos finales respectivos no se encuentran como sustancias puras en los organismos. En el producto final siempre están contenidas pequeñas cantidades de los compuestos precursores. Estas pequeñas cantidades ascienden a menos del 20 % en peso, ventajosamente a menos del 15 % en peso, de manera especialmente ventajosa a menos del 10 % en peso, de manera muy especialmente ventajosa a menos del 5, 4, 3, 2 o 1 % en peso con respecto al producto final DGLA, ETA o sus mezclas o ARA, EPA, DHA o sus mezclas, ventajosamente EPA o DHA o sus mezclas.

La proteína codificada por el ácido nucleico descrito muestra una alta especificidad para los dos precursores ácidos grasos $C_{18:4}^{\Delta 6,9,12,15}$ y $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$ para la síntesis de DHA (precursores y síntesis de DHA véase la figura 1). La proteína codificada por la SEQ ID NO: 53 tiene con ello una especificidad para ácidos grasos Δ6 y Δ5 con adicionalmente un doble enlace en ω3 (figura 2). La Δ5-elongasa tiene una actividad ceto-acil-CoA-sintasa, que alarga ventajosamente restos de ácido graso de ésteres de acil-CoA en dos átomos de carbono.

Por medio de los genes de Δ5-elongasa, de la Δ5-desaturasa de *Phaeodacylum* así como de la Δ4-desaturasa de *Euglena* pudo detectarse la síntesis de DHA en levadura (*Saccharomyces cerevisiae*) (figura 3).

Además de la producción de los ácidos grasos de partida para la Δ5-elongasa, ω3-desaturasa descritas y/o la Δ6-elongasa de acuerdo con la invención también pueden alimentarse directamente en el organismo los ácidos grasos desde fuera. Por razones económicos se prefiere la producción en el organismo. Los sustratos preferentes de la Δ3-desaturasa son el ácido linoleico ($C_{18:2}^{\Delta 9,12}$), el ácido γ-linolénico ($C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$), el ácido eicosadienoico ($C_{20:2}^{\Delta 11,14}$), el ácido dihomo-γ-linolénico ($C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$), el ácido araquidónico ($C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$), el ácido docosatetraenoico ($C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$) y el ácido docosapentaenoico ($C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,15}$).

Para aumentar el rendimiento en el procedimiento descrito para la preparación de aceites y/o triglicéridos con un contenido ventajosamente elevado en ácidos grasos poliinsaturados es ventajoso aumentar la cantidad de producto de partida para la síntesis de ácidos grasos. Esto puede conseguirse, por ejemplo, mediante la introducción de un ácido nucleico en el organismo que codifica un polipéptido con actividad Δ12-desaturasa. Esto es particularmente ventajoso en organismos que producen aceite, tal como de la familia de Brassicaceae, tal como el género Brassica, por ejemplo colza; de la familia de Elaeagnaceae, tal como el género Elaeagnus, por ejemplo el género y especie

Olea europaea o de la familia Fabaceae, tal como el género Glycine, por ejemplo el género y especie *Glycine max*, que presentan un alto contenido en ácido oleico. Puesto que estos organismos presentan solo un bajo contenido en ácido linoleico (Mikoklajczak y col., Journal of the American Oil Chemical Society, 38, 1961, 678 - 681), es ventajoso el uso de las Δ12-desaturasas mencionadas para la preparación del producto de partida ácido linoleico.

Los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de acuerdo con la invención proceden ventajosamente de plantas tales como algas, por ejemplo algas de la familia de Prasinophyceae, tal como de los géneros Heteromastix, Mammella, Mantoniella, Micromonas, Nephroselmis, Ostreococcus, Prasinocladus, Prasinococcus, Pseudoscourfielda, Pycnococcus, Pyramimonas, Scherffelia o Tetraselmis, tal como los géneros y especies *Heteromastix longifillis*, *Mamiella gilva*, *Mantoniella squamata*, *Micromonas pusilla*, *Nephroselmis olivacea*, *Nephroselmis pyriformis*, *Nephroselmis rotunda*, *Ostreococcus tauri*, *Ostreococcus* sp., *Prasinocladus ascus*, *Prasinocladus lubricus*, *Pycnococcus provasolii*, *Pyramimonas amylifera*, *Pyramimonas disomata*, *Pyramimonas obovata*, *Pyramimonas orientalis*, *Pyramimonas parkeae*, *Pyramimonas spinifera*, *Pyramimonas* sp., *Tetraselmis apiculata*, *Tetraselmis carteriaformis*, *Tetraselmis chui*, *Tetraselmis convolutae*, *Tetraselmis desikacharyi*, *Tetraselmis gracilis*, *Tetraselmis hazeni*, *Tetraselmis impellucida*, *Tetraselmis inconspicua*, *Tetraselmis levis*, *Tetraselmis maculata*, *Tetraselmis marina*, *Tetraselmis striata*, *Tetraselmis subcordiformis*, *Tetraselmis suecica*, *Tetraselmis tetrabrachia*, *Tetraselmis tetrathele*, *Tetraselmis verrucosa*, *Tetraselmis verrucosa* fo*. rubens o Tetraselmis* sp. o de algas de la familia Euglenaceae, tal como de los géneros Ascoglena, Astasia, Colacium, Cyclidiopsis, Euglena, Euglenopsis, Hyalophacus, Khawkinea, Lepocinclis, Phacus, Strombomonas o Trachelomonas, tal como los géneros y especie *Euglena acus*, *Euglena geniculata*, *Euglena gracilis*, *Euglena mixocylindracea*, *Euglena rostrifera*, *Euglena viridis*, *Colacium stentorium*, *Trachelomonas cylindrica o Trachelomonas volvocina*. Ventajosamente proceden los ácidos nucleicos usados de algas de los géneros Euglena, Mantoniella u Ostreococcus.

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

Ventajosamente se usan en el procedimiento de acuerdo con la invención las secuencias de ácido nucleico mencionadas anteriormente o sus derivados u homólogos, que codifican polipéptidos, que tienen aún la actividad enzimática de las proteínas codificadas por las secuencias de ácido nucleico. Estas secuencias se clonan individualmente o en combinación con las secuencias de ácido nucleico que codifican la Δ12-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o ω3-desaturasa en construcciones de expresión y se usan para la introducción y para la expresión en organismos. Mediante su construcción, estas construcciones de expresión hacen posible una síntesis ventajosa óptima de los ácidos grasos poliinsaturados producidos en el procedimiento de acuerdo con la invención.

En una forma de realización preferente comprende el procedimiento además la etapa de obtención de una célula o de un organismo no humano entero, que contiene las secuencias de ácido nucleico usadas en el procedimiento, transformándose la célula y/o el organismo con un ácido nucleico con secuencias que codifican la Δ12-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o ω3, una construcción génica o un vector tal como se describe a continuación, solo o en combinación con otras secuencias de ácido nucleico que codifican proteínas del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos. En otra forma de realización preferente comprende este procedimiento además la etapa de obtención de aceites, lípidos o ácidos grasos libres del organismo o del cultivo. En el caso del cultivo puede tratarse por ejemplo de un cultivo de fermentación, por ejemplo en el caso de cultivo de microorganismos tales como por ejemplo Mortierella, Thalassiosira, Mantoniella, Ostreococcus, Saccharomyces o Thraustochytrium o de un cultivo en invernadero o en campo de una planta. La célula así producida o el organismo así producido es ventajosamente una célula de un organismo que produce aceite, tal como una planta oleaginosa, tal como por ejemplo cacahuete, colza, canola, lino, cáñamo, soja, cártamo, girasoles o borraja.

Por cultivo ha de entenderse, por ejemplo, el cultivo en el caso de células, tejidos u órganos vegetales sobre o en un medio nutritivo o en el caso de la planta entera sobre o en un sustrato, por ejemplo en hidrocultivo, en tierra de

macetas o en suelo arado.

"Transgénico" o "recombinante" en el sentido de la invención significa con respecto a, por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico, un casete de expresión (= construcción génica) o un vector que contiene la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la invención o un organismo transformado con las secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención, casete de expresión o vector, todas aquellas construcciones realizadas mediante procedimientos de ingeniería genética en las que o bien

a) los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, representados mediante sus secuencias de ácido nucleico o

b) la secuencia control genética enlazada funcionalmente con estas secuencias de ácido nucleico, por ejemplo un promotor o

c) (a) y (b)

no se encuentran en su entorno genético natural o se han modificado mediante procedimientos de ingeniería genética, pudiendo ser la modificación a modo de ejemplo una sustitución, adición, deleción, inversión o inserción de uno o varios restos de nucleótidos. Un entorno genético natural significa el *locus* natural genómico o cromosómico en el organismo de origen o la presencia en una biblioteca genómica. En el caso de una biblioteca genómica se obtiene preferentemente todavía, al menos en parte, el entorno genético, natural de la secuencia de ácido nucleico. El entorno flanquea la secuencia de ácido nucleico al menos en un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, preferentemente de al menos 500 pb, de manera especialmente preferente al menos 1000 pb, de manera muy especialmente preferente al menos 5000 pb. Un casete de expresión que se produce naturalmente, por ejemplo la combinación que se produce naturalmente del promotor natural de los ácidos nucleicos con secuencias con los correspondientes genes de Δ12-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-elongasa y/o Δ5-elongasa, se convierte en un casete de expresión transgénico si éste se modifica mediante procedimientos no naturales, sintéticos ("artificiales"), tal como por ejemplo una mutación. Los correspondientes procedimientos se describen por ejemplo en el documento US 5.565.350 o WO 00/15815.

Por organismo transgénico o planta transgénica en el sentido de la invención ha de entenderse, tal como se ha mencionado anteriormente, que los ácidos nucleicos usados en el procedimiento no están en su sitio natural en el genoma de un organismo, a este respecto pueden expresarse los ácidos nucleicos de manera homóloga o heteróloga. Sin embargo, transgénico significa también, tal como se ha mencionado, que los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención están en su lugar natural en el genoma de un organismo, sin embargo que la secuencia se modificó en comparación con la secuencia natural y/o que las secuencias de regulación de las secuencias naturales se han modificado. Preferentemente ha de entenderse por transgénica la expresión de los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención en sitio no natural en el genoma, es decir existe una expresión homóloga o preferentemente heteróloga de los ácidos nucleicos. Los organismos transgénicos preferentes son hongos tales como Mortierella o Phytophtora, musgos tales como Physcomitrella, algas tales como Mantoniella, Euglena, Crypthecodinium o Ostreococcus, diatomeas tales como Thalassiosira o Phaeodyctylum o plantas tales como las plantas oleaginosas.

Como organismos u organismos huéspedes para los ácidos nucleicos, el casete de expresión o el vector usados en el procedimiento de acuerdo con la invención son adecuados en principio, de manera ventajosa, todos los organismos no humanos que pueden sintetizar ácidos grasos, especialmente ácidos grasos insaturados, o que son adecuados para la expresión de genes recombinantes. A modo de ejemplo pueden mencionarse plantas tales como Arabidopsis, Asteraceae tales como caléndula o plantas de cultivo tales como soja, cacahuete, ricino, girasol, maíz, algodón, lino, colza, coco, palma oleífera, cártamo (*Carthamus tinctorius*) o granos de cacao, microorganismos tales como hongos, por ejemplo del género Mortierella, Thraustochitrium, Saprolegnia, Phytophtora o Pythium, bacterias tal como el género Escherichia o Shewanella, levaduras tal como el género Saccharomyces, cianobacterias, ciliados, algas tales como Mantoniella, Euglena, Thalassiosira o Ostreococcus o protozoos tales como dinoflagelados, tales como Crypthecodinium. Se prefieren organismos que pueden sintetizar aceites naturales en cantidades más grandes, tales como hongos tales como *Mortierella alpina*, *Pythium insidiosum*, *Phytophtora infestans* o plantas tales como soja, colza, coco, palma oleífera, cártamo, lino, cáñamo, ricino, caléndula, cacahuete, granos de cacao o girasol o levaduras tales como *Saccharomyces cerevisiae*, prefiriéndose especialmente soja, lino, colza, cártamo, girasol, caléndula, Mortierella o *Saccharomyces cerevisiae*. En principio también son adecuados como organismos huéspedes, además de los organismos no humanos transgénicos mencionados anteriormente, los animales no humanos transgénicos, por ejemplo *C. elegans*, *Ciona intestinalis* o *Xenopus laevis*.

Se mencionan células huéspedes útiles además en: Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

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

A esto pertenecen células vegetales y determinados tejidos, órganos y partes de plantas en todas sus formas de presentación, tales como anteras, fibras, pelos radicales, tallos, embriones, callos, cotiledones, peciolos, material de

cosecha, tejidos vegetales, tejido reproductivo y cultivos celulares, que se deriven de la propia planta transgénica y/o que puedan usarse para producir la planta transgénica.

Las plantas transgénicas que contienen los ácidos grasos poliinsaturados sintetizados en el procedimiento de acuerdo con la invención pueden comercializarse de manera ventajosa directamente sin que los aceites, lípidos o ácidos grasos sintetizados deban aislarse. Por plantas en el procedimiento de acuerdo con la invención se entiende las plantas enteras así como todas las partes de las plantas, órganos vegetales o partes de la planta tales como hoja, tallo de la hoja, semillas, raíz, tubérculos, anteras, fibras, pelos radicales, tallo, embrión, callos, cotiledones, peciolos, material de cosecha, tejido vegetal, tejido reproductivo, cultivos celulares que se deriven de la planta transgénica y/o que puedan usarse para producir la planta transgénica. Las semillas comprenden a este respecto todas las partes de semilla, tales como las vainas de semillas, células de epidermis y de la semilla, endosperma o tejido embrionario. Sin embargo, los compuestos preparados en el procedimiento de acuerdo con la invención también pueden aislarse de los organismos, ventajosamente plantas en forma de sus aceites, grasa, lípidos y/o ácidos grasos libres. Los ácidos grasos poliinsaturados preparados mediante este procedimiento pueden recolectarse mediante cosecha de los organismos, o bien del cultivo en el que crecen, o bien del campo. Esto puede realizarse por medio de prensado o extracción de las partes de la planta, preferentemente de las semillas de la planta. A este respecto, los aceites, grasas, lípidos y/o ácidos grasos libres pueden obtenerse mediante el denominado golpeado frío o prensado en frío, sin aplicar calor al prensar. Para permitir que las partes de la planta, especialmente las semillas, se abran más fácilmente, primero se trituran, se someten a vapor o se tuestan. Las semillas tratadas así previamente pueden prensarse a continuación o someterse a extracción con disolvente tal como hexano caliente. A continuación se retira de nuevo el solvente. En el caso de microorganismos, éstos se extraen después de la cosecha, por ejemplo directamente sin etapas de trabajo adicionales o sin embargo después de la apertura mediante diferentes procedimientos conocidos por el experto técnico. De esta manera pueden aislarse más de 96 % de los compuestos preparados en el procedimiento. A continuación, los productos así obtenidos se siguen procesando, es decir se refinan. A este respecto en primer lugar se separan, por ejemplo, los mucílagos vegetales y la materia suspendida. La denominada separación de los mucílagos puede realizarse de manera enzimática o, por ejemplo, química/físicamente mediante adición de ácido tal como ácido fosfórico. A continuación, los ácidos grasos libres se separan mediante tratamiento con una base, por ejemplo hidróxido de sodio. Para separar el hidróxido que permanezca en el producto, el producto obtenido se lava minuciosamente con agua y se seca. Para separar los colorantes contenidos aún en el producto, los productos se someten a un blanqueamiento con por ejemplo arcilla blanqueadora o con carbón activo. Al final, el producto se desodoriza además por ejemplo con vapor de agua.

Los PUFAs o LCPUFAs producidos mediante este procedimiento son preferentemente moléculas de ácido graso C_{18}, C_{20} o C_{22}, ventajosamente moléculas de ácido graso C_{20} o C_{22} con al menos dos dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferiblemente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Estas moléculas de ácido graso C_{18}, C_{20} o C_{22} pueden aislarse del organismo en forma de un aceite, un lípido o un ácido graso libre. Los organismos adecuados son, por ejemplo, los mencionados anteriormente. Los organismos preferentes son plantas transgénicas.

Una forma de realización de la invención son por tanto aceites, lípidos o ácidos grasos o fracciones de los mismos que se hayan preparado mediante el procedimiento descrito anteriormente, de manera especialmente preferente aceite, lípido o una composición de ácidos grasos que comprenda PUFAs y proceda de plantas transgénicas.

Tal como se ha descrito anteriormente, estos aceites, lípidos o ácidos grasos contienen ventajosamente del 6 % al 15 % de ácido palmítico, del 1 % al 6 % de ácido esteárico; del 7 % al 85 % de ácido oleico; del 0,5 % al 8 % de ácido vaccénico, del 0,1 % al 1 % de ácido aráquico, del 7 % al 25 % de ácidos grasos saturados, del 8 % al 85 % de ácidos grasos monoinsaturados y del 60 % al 85 % de ácidos grasos poliinsaturados, en cada caso con respecto al 100 % y con respecto al contenido total de ácidos grasos de los organismos. Como ácido graso poliinsaturado ventajoso están contenidos en los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos preferentemente al menos el 0,1; 0,2; 0,3; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 o el 1 % de ácido araquidónico con respecto al contenido total de ácidos grasos. Además, los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos, que se han preparado según el procedimiento de acuerdo con la invención, contienen ventajosamente ácidos grasos seleccionados del grupo de los ácidos grasos ácido erúcico (ácido 13-docosaenoico), ácido estercúlico (ácido 9,10-metilen-octadec-9-enoico), ácido malválico (ácido 8,9-metilen-heptadec-8-enoico), ácido chaulmoógrico (ácido ciclopentendodecanoico), ácido graso de furano (ácido 9,12-epoxi-octodeca-9,11-dienoico), ácido vernónico (ácido 9,10-epoxioctadec-12-enoico), ácido tarírico (ácido 6-octadecinoico), ácido 6-nonadecinoico, ácido santálbico (ácido t11-octadecen-9-inoico), ácido 6,9-octadeceninoico, ácido pirúlico (ácido t10-heptadecen-8-inoico), ácido crepenínico (ácido 9-octadecen-12-inoico), ácido 13,14-dihidrooroféico, ácido octadecen-13-ene-9,11-diinoico, ácido petroselénico (ácido cis-6-octadecenoico), ácido 9c,12t-octadecadienoico, ácido calendúlico (ácido 8t10t12c-octadecatrienoico), ácido catálpico (ácido 9t11t13c-octadecatrienoico), ácido eleoesteárico (ácido 9c11t13t-octadecatrienoico), ácido jacárico (ácido 8c10t12c-octadecatrienoico), ácido punícico (ácido 9c11t13c-octadecatrienoico), ácido parinárico (ácido 9c11t13t15c-octadecatetraenoico), ácido pinolénico (ácido todo-cis-5,9,12-octadecatrienoico), ácido labalénico (ácido 5,6-octadecadienalenoico), ácido ricinoleico (ácido 12-hidroxioleico) y/o ácido coriólico (ácido 13-hidroxi-9c,11t-octadecadienoico). Los ácidos grasos mencionados anteriormente se encuentran en los ésteres de ácidos grasos o en las mezclas de ácidos grasos preparados según el procedimiento de acuerdo con la invención por regla general ventajosamente solo en trazas, es decir éstos se encuentran con respecto a los ácidos grasos totales en menos del 30 %, preferentemente en menos del 25 %, 24 %, 23 %, 22 % o 21 %, de manera especialmente preferente en

menos del 20 %, 15 %, 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 % o 5 %, de manera muy especialmente preferente en menos del 4 %, 3 %, 2 % o 1 %. En otra forma preferente de la invención se encuentran estos ácidos grasos mencionados anteriormente con respecto a los ácidos grasos totales en menos del 0,9 %; 0,8 %; 0,7 %; 0,6 %; o 0,5 %, de manera especialmente preferente en menos del 0,4 %; 0,3 %; 0,2 %; 0,1 %. Ventajosamente, los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos preparados según el procedimiento de acuerdo con la invención no contienen o contienen menos del 0,1 % con respecto a los ácidos grasos totales de ácido butírico, de colesterol, de ácido clupanodónico (= ácido docosapentaenoico, $C_{22:5}^{\Delta 4,8,12,15,21}$) así como de ácido nisínico (ácido tetracosahexaenoico, $C_{23:6}^{\Delta 3,8,12,15,18,21}$).

Ventajosamente, los aceites, lípidos o ácidos grasos de acuerdo con la invención contienen al menos el 0,5 %, 1 %, 2 %, 3 %, 4 % o 5 %, ventajosamente al menos el 6 %, 7 %, 8 %, 9 % o 10 %, de manera especialmente ventajosa al menos el 11 %, 12 %, 13 %, 14 % o 15 % de ARA o al menos el 0,5 %, 1 %, 2 %, 3 %, 4 % o 5 %, ventajosamente al menos el 6 %, o el 7 %, de manera especialmente ventajosa al menos el 8 %, 9 % o el 10 % de EPA y/o DHA con respecto al contenido de ácido grasos total del organismo de producción, ventajosamente de una planta, de manera especialmente ventajosa de una planta oleaginosa tal como soja, colza, coco, palma oleífera, cártamo, lino, cáñamo, ricino, caléndula, cacahuete, granos de cacao, girasol o las otras plantas oleaginosas mono o dicotiledóneas mencionadas anteriormente.

Otra forma de realización de acuerdo con la invención es el uso del aceite, del lípido, de los ácidos grasos y/o de la composición de ácidos grasos en piensos, productos alimenticios, productos cosméticos o productos farmacéuticos. Los aceites, lípidos, ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos de acuerdo con la invención pueden usarse de manera conocida para el experto para el mezclado con otros aceites, lípidos, ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos de origen animal, tal como por ejemplo aceites de pescado. También estos aceites, lípidos, ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos, que están constituidos por partes constituyentes vegetales y animales, pueden usarse para la preparación de piensos, productos alimenticios, productos cosméticos o productos farmacéuticos.

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

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

De los ácidos grasos poliinsaturados ventajosamente con al menos cinco o seis dobles enlaces, preparados así en el procedimiento de acuerdo con la invención, pueden liberarse los ácidos grasos poliinsaturados contenidos, por ejemplo, mediante un tratamiento alcalino, por ejemplo KOH o NaOH acuosos o hidrólisis ácida, ventajosamente en presencia de un alcohol tal como metanol o etanol o por una disociación enzimática, y pueden aislarse por ejemplo mediante separación de fases y posterior acidificación sobre por ejemplo H_2SO_4. La liberación de los ácidos grasos puede realizarse directamente sin el procesamiento descrito anteriormente.

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

Los musgos y algas son los únicos sistemas vegetales conocidos que producen cantidades considerables de ácidos grasos poliinsaturados, tales como el ácido araquidónico (ARA) y/o el ácido eicosapentaenoico (EPA) y/o el ácido docosahexaenoico (DHA). Los musgos contienen PUFAs en lípidos de membrana mientras que las algas, los organismos relacionados con las algas y algunos hongos también acumulan cantidades significativas de PUFAs en la fracción de triacilglicerol. Por lo tanto, las moléculas de ácido nucleico que se aíslan de tales variedades que también acumulan PUFAs en la fracción de triacilglicerol son adecuadas de manera especialmente ventajosa para el

procedimiento de acuerdo con la invención y con ello para la modificación del sistema de producción de lípidos y de PUFA en un huésped, en particular plantas, tales como las oleaginosas, por ejemplo colza, canola, lino, cáñamo, soja, girasol, borraja. Por esta razón son aplicables ventajosamente en el procedimiento de acuerdo con la invención.

Como sustratos de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de acuerdo con la invención, que codifican polipéptidos con actividad Δ12-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o ω3-desaturasa, y/o de los otros ácidos nucleicos usados, tales como los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos seleccionados del grupo acil-CoA-dehidrogenasa(s), acil-ACP[= proteína portadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasa(s), lipoxigenasa(a), triacilglicerol-lipasa(s), óxido de aleno-sintasa(s), hidroperóxido-liasa(s) o ácido graso-elongasa(s) son adecuados ventajosamente ácidos grasos C_{16}, C_{18} o C_{20}. Preferentemente, los ácidos grasos convertidos como sustratos en el procedimiento se convierten en forma de sus ésteres de acil-CoA y/o sus ésteres de fosfolípidos.

Para la preparación de los PUFAs de cadena larga de acuerdo con la invención, los ácidos grasos C_{18} poliinsaturados en primer lugar deben desaturarse mediante la actividad enzimática de una desaturasa y a continuación deben alargarse en al menos dos átomos de carbono mediante una elongasa. Después de un ciclo de elongación, esta actividad enzimática conduce a ácidos grasos C_{20}, y después de dos ciclos de elongación a ácidos grasos C_{22}. La actividad de las desaturasas y elongasas usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención conduce preferentemente a ácidos grasos C_{18}, C_{20} y/o C_{22} ventajosamente con al menos dos dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferentemente con tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, de manera especialmente preferente a ácidos grasos C_{20} y/o C_{22} con al menos dos dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferentemente con tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, de manera muy especialmente preferente con cinco o seis dobles enlaces en la molécula. Después de que haya tenido lugar una primera desaturación y el alargamiento, pueden realizarse otras etapas de desaturación y de elongación, tal como por ejemplo una desaturación tal en posición Δ5 y Δ4. Se prefieren especialmente como productos del procedimiento de acuerdo con la invención ácido dihomo-γ-linolénico, ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico, ácido docosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico. Los ácidos grasos C_{20} con al menos dos dobles enlaces en el ácido graso pueden alargarse mediante la actividad enzimática de acuerdo con la invención en forma del ácido graso libre o en forma de los ésteres, tales como fosfolípidos, glicolípidos, esfingolípidos, fosfoglicéridos, monoacilglicerina, diacilglicerina o triacilglicerina.

El lugar de biosíntesis preferente de los ácidos grasos, aceites, lípidos o grasas en las plantas usadas ventajosamente es en general, por ejemplo, las semillas o las capas celulares de las semillas, de modo que sea práctica una expresión específica de semilla de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento. Sin embargo es lógico que la biosíntesis de ácidos grasos, aceites o lípidos no deba restringirse al tejido de las semillas sino que también pueda realizarse de una manera específica para tejidos en todas las demás partes de la planta, por ejemplo en las células de la epidermis o en los tubérculos.

Si en el procedimiento de acuerdo con la invención se usan como organismo microorganismos tales como levaduras, tales como Saccharomyces o Schizosaccharomyces, hongos tales como Mortierella, Aspergillus, Phytophtora, Entomophthora, Mucor o Thraustochytrium, algas tales como Isochrysis, Mantoniella, Euglena, Ostreococcus, Phaeodactylum o Crypthecodinium, entonces estos organismos se cultivan ventajosamente en fermentación.

Mediante el uso de los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención que codifican una Δ5-elongasa, pueden elevarse los ácidos grasos poliinsaturados preparados en el procedimiento al menos en un 5 %, preferentemente al menos en un 10 %, de manera especialmente preferente al menos en un 20 %, de manera muy especialmente preferente en al menos un 50 % en comparación con el tipo natural de los organismos, que no contienen los ácidos nucleicos de manera recombinante.

Mediante el procedimiento de acuerdo con la invención pueden aumentarse los ácidos grasos poliinsaturados preparados en los organismos usados en el procedimiento en principio de dos maneras. La fuente de ácidos grasos poliinsaturados libres y/o la proporción de los ácidos grasos poliinsaturados esterificados preparados mediante el procedimiento pueden incrementarse ventajosamente. Mediante el procedimiento de acuerdo con la invención se incrementa ventajosamente la fuente de ácidos grasos poliinsaturados esterificados en los organismos transgénicos.

Si en el procedimiento de acuerdo con la invención se usan microorganismos como organismos, entonces éstos se cultivan o se crían dependiendo del organismo huésped de una manera conocida por el experto. Los microorganismos se cultivan por regla general en un medio líquido que contiene una fuente de carbono, en la mayoría de los casos en forma de azúcares, una fuente de nitrógeno, en la mayoría de los casos en forma de fuentes orgánicas de nitrógeno tales como el extracto de levadura o sales tales como sulfato de amonio, oligoelementos tales como sales de hierro, manganeso y magnesio, y eventualmente vitaminas, a temperaturas entre 0 ºC y 100 ºC, preferentemente entre 10 ºC y 60 ºC con suministro de oxígeno. A este respecto, el pH del

líquido nutriente puede mantenerse en un valor fijo, es decir puede regularse durante el cultivo o no. El cultivo puede realizarse de manera discontinua, semi-continua o de manera continua. Los nutrientes pueden cargarse al inicio de la fermentación o pueden suministrarse después de manera semi-continua o continua. Los ácidos grasos poliinsaturados preparados pueden aislarse de los organismos según procedimientos conocidos por el experto, tal como se ha descrito anteriormente. Por ejemplo mediante extracción, destilación, cristalización, eventualmente mediante precipitación de sal y/o cromatografía. Para esto, previamente los organismos pueden además abrirse de manera ventajosa.

El procedimiento de acuerdo con la invención se realiza, cuando en el caso de los organismos huéspedes se trate de microorganismos, ventajosamente a una temperatura entre 0 ºC y 95 ºC, preferentemente entre 10 ºC y 85 ºC, de manera especialmente preferente entre 15 ºC y 75 ºC, de manera muy especialmente preferente entre 15 ºC y 45 ºC.

El valor de pH se mantiene a este respecto ventajosamente entre pH 4 y 12, preferentemente entre pH 6 y 9, de manera especialmente preferente entre pH 7 y 8.

El procedimiento de acuerdo con la invención puede hacerse funcionar de manera discontinua, de manera semi-continua o de manera continua. Un resumen sobre procedimientos de cultivo conocidos puede encontrarse en el manual de Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einf. hrung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) o en el manual de Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)).

El medio de cultivo que va a usarse tiene que satisfacer de manera adecuada los requerimientos de las cepas respectivas. Las descripciones de medios de cultivo de diversos microorganismos están contenidas en el manual “Manual of Methods für General Bacteriology” de American Society für Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981).

Tal como se ha descrito anteriormente, estos medios que pueden usarse de acuerdo con la invención comprenden habitualmente una o más fuentes de carbono, fuentes de nitrógeno, sales inorgánicas, vitaminas y/u oligoelementos.

Las fuentes de carbono preferentes son azúcares, tales como mono-, di- o polisacáridos. Las fuentes de carbono muy buenas son, por ejemplo, glucosa, fructosa, manosa, galactosa, ribosa, sorbosa, ribulosa, lactosa, maltosa, sacarosa, rafinosa, almidón o celulosa. A los medios también puede añadirse azúcar por medio de compuestos complejos, tales como melazas u otros productos secundarios del refinamiento de azúcares. También puede ser ventajoso añadir mezclas de diversas fuentes de carbono. Otras posibles fuentes de carbono son aceites y grasas, tales como por ejemplo aceite de soja, aceite de girasol, aceite de maní y/o grasa de coco, ácidos grasos, tales como por ejemplo ácido palmítico, ácido esteárico y/o ácido linoleico, alcoholes y/o polialcoholes, tales como por ejemplo glicerina, metanol y/o etanol y/o ácidos orgánicos, tales como por ejemplo ácido acético y/o ácido láctico.

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

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

Como fuente de azufre para la preparación de productos químicos finos que contienen azufre, en particular de metionina, pueden usarse compuestos inorgánicos que contienen azufre, tales como por ejemplo sulfatos, sulfitos, ditionitos, tetrationatos, tiosulfatos, sulfuros pero también compuestos orgánicos de azufre, tales como mercaptanos y tioles.

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

Al medio pueden añadirse agentes formadores de quelato para mantener los iones metálicos en solución. Los agentes formadores de quelato especialmente adecuados comprenden dihidroxifenoles, tales como catecol o protocatecuato, o ácidos orgánicos, tales como ácido cítrico.

Los medios de fermentación usados de acuerdo con la invención para el cultivo de microorganismos también contienen usualmente otros factores de crecimiento, tales como vitaminas o promotores de crecimiento, a los cuales pertenecen, por ejemplo, biotina, riboflavina, tiamina, ácido fólico, ácido nicotínico, pantotenato y piridoxina. Los factores de crecimiento y las sales proceden con frecuencia de componentes complejos del medio, tales como extracto de levadura, melazas, líquido de maíz macerado y similares. Al medio de cultivo pueden añadirse además precursores adecuados. La composición exacta de los compuestos del medio depende mucho del respectivo experimento y se decide individualmente para cada caso específico. La información sobre la optimización de medios puede obtenerse del libro de texto “Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach” (editores P.M. Rhodes, P.F.

Stanbury, IRL Press (1997) páginas 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Los medios de crecimiento también pueden referirse por proveedores comerciales como Standard 1 (Merck) o BHI (Brain heart infusion, DIFCO) y similares.

Todos los componentes del medio se esterilizan o bien por calor (20 min a 150 kPa y 121 ºC) o mediante filtración estéril. Los componentes pueden esterilizarse o bien juntos o, si es necesario, por separado. Todos los componentes del medio pueden añadirse al inicio del cultivo u opcionalmente de manera continua o por cargas.

La temperatura del cultivo se encuentra normalmente entre 15 ºC y 45 ºC, preferentemente a de 25 ºC a 40 ºC y puede mantenerse constante o modificarse durante el experimento. El valor de pH del medio debía encontrarse en el intervalo de 5 a 8,5, preferentemente alrededor de 7,0. El valor de pH para el cultivo puede controlarse durante el cultivo añadiendo compuestos básicos tales como hidróxido de sodio, hidróxido de potasio, amoníaco o amoníaco acuoso o compuestos ácidos tales como ácido fosfórico o ácido sulfúrico. Para controlar la formación de espuma pueden usarse agentes antiespumantes, tales como por ejemplo ésteres poliglicólicos de ácidos grasos. Para mantener la estabilidad de plásmidos pueden agregarse al medio sustancias adecuadas que actúan selectivamente, tales como por ejemplo antibióticos. Para mantener las condiciones aeróbicas se introduce en el cultivo oxígeno o mezclas gaseosas que contienen oxígeno, tales como por ejemplo aire del ambiente. La temperatura del cultivo se encuentra normalmente a de 20 ºC a 45 ºC y preferentemente a de 25 ºC a 40 ºC. El cultivo continúa hasta que se haya formado un máximo del producto deseado. Este objetivo se consigue normalmente en el intervalo de 10 horas a 160 horas.

Los caldos de fermentación así obtenidos, que contienen en particular ácidos grasos poliinsaturados, tienen usualmente una masa seca del 7,5 % al 25 % en peso.

A continuación, el caldo de fermentación puede procesarse más. Dependiendo del requerimiento, la biomasa puede separarse total o parcialmente del caldo de fermentación mediante procedimientos de separación, tales como por ejemplo centrifugación, filtración, decantación o una combinación de estos procedimientos o puede dejarse en el mismo completamente. La biomasa se procesa ventajosamente después de la separación.

El caldo de fermentación puede espesarse o concentrarse sin embargo también sin separación de células con procedimientos conocidos, tales como por ejemplo con ayuda de un rotavapor, evaporador de capa fina, evaporador de película descendente, mediante osmosis inversa, o mediante nanofiltración. Este caldo de fermentación concentrado puede procesarse finalmente para obtener los ácidos grasos allí contenidos.

Los ácidos grasos obtenidos en el procedimiento son adecuados también como material de partida para la síntesis química de otros productos valiosos. Pueden usarse, por ejemplo, en combinación entre sí o solos para la preparación de productos farmacéuticos, productos alimenticios, comida para animales o productos cosméticos.

Se han descrito ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ5-elongasa, convirtiendo las Δ5-elongasas codificadas por las secuencias de ácido nucleico ácidos grasos C_{20} con al menos cuatro dobles enlaces en la molécula de ácido graso; que se incorporan ventajosamente por último en diacilglicéridos y/o triacilglicéridos.

Se divulgan ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ5-elongasa y que contienen una secuencia de aminoácidos seleccionados del grupo SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 o SEQ ID NO: 142.

Otros ácidos nucleicos aislados divulgados están representados mediante secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos con actividad Δ5-elongasa y que contienen una combinación de los aminoácidos con las secuencias seleccionadas del grupo:

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

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

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

Las secuencias reproducidas en las secuencias SEQ ID NO: 115 (NXXXHXXMYXYYX), SEQ ID NO: 116 (HHXXXXWAWW), SEQ ID NO: 139 (LHXXHH), SEQ ID NO: 140 (TXXQXXQF), SEQ ID NO: 141 (DTXFMV) y SEQ ID NO: 142 (TQAQXXQF) presentan de nuevo zonas conservadas de las distintas elongasas. La tabla 2 reproduce el significado de los aminoácidos designados con X contenidos en las secuencias de ácido nucleico mencionadas (columna 3). También pueden deducirse de la tabla los aminoácidos preferentes en las distintas posiciones (columna 3). La columna 1 reproduce la SEQ ID NO, la columna 2 la posición en la secuencia.

Tabla 2: significado del aminoácido designado con X en la secuencia consenso.

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

Las Δ5-elongasas especialmente ventajosas contienen al menos una de las secuencias SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 y/o SEQ ID NO: 142.

Los ácidos nucleicos aislados especialmente ventajosos son aquéllos con secuencias seleccionadas del grupo:

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

b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO:

60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 o SEQ ID NO: 134 o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133 y presentan una actividad Δ5-elongasa.

Además se describen ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ6-elongasa, seleccionados del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 o SEQ ID NO: 183, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 o SEQ ID NO: 184 y presentan una actividad Δ6-elongasa.

En otro objeto de la invención se usan ácidos nucleicos con secuencias que codifican polipéptidos con actividad ω3-desaturasa, seleccionados del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad ω3-desaturasa.

Se describen ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ6-desaturasa, seleccionados del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 97, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98 y presentan una actividad Δ6-desaturasa.

Se divulgan ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ5-desaturasa, seleccionados del grupo:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101,

b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o en la SEQ ID NO: 102 o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o con la SEQ ID NO: 102 y presentan una actividad Δ5-desaturasa.

Se divulgan ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ4-desaturasa, seleccionados del grupo:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 95 o in SEQ ID NO: 103,

b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de

aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104 o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 95 o SEQ ID NO: 103, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104 y presentan una actividad Δ4-desaturasa.

En otro objeto de la invención se usan ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ12-desaturasa, seleccionados del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad Δ12-desaturasa.

Se divulgan construcciones génicas que contienen las secuencias de ácido nucleico SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, estando unido el ácido nucleico de manera funcional con una o varias señales de regulación. Adicionalmente pueden estar contenidos otros genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos, seleccionados del grupo acil-CoA-deshidrogenasa(s), acil-ACP [= proteína portadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasas, lipoxigenasas, triacilglicerol-lipasas, óxido de aleno-sintasas, hidroperóxido-liasas o ácido graso-elongasa(s) en la construcción génica. Ventajosamente están contenidos adicionalmente genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos, seleccionados del grupo de la Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ9-desaturasa, Δ12-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ9-elongasa o ω3-desaturasa.

Ventajosamente proceden todas las secuencias de ácido nucleico usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención de un organismo no humano eucariota, tal como una planta, un microorganismo o un animal. Preferentemente proceden las secuencias de ácido nucleico del orden Salmoniformes, Xenopus o Ciona, algas tales como Mantoniella, Crypthecodinium, Euglena o Ostreococcus, hongos tales como del género Phytophtora o de diatomeas tales como los géneros Thalassiosira o Phaeodactylum.

Los ácidos nucleicos usados en el procedimiento con secuencias que codifican proteínas con actividad ω3-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ9-desaturasa, Δ12-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa o Δ9-elongasa, se introducen ventajosamente solos o preferentemente en combinación en un casete de expresión (=construcción de ácido nucleico), que permite la expresión de los ácidos nucleicos en un organismo ventajosamente una planta o un microorganismo. Puede estar contenida en la construcción de ácido nucleico más de una secuencia de ácido nucleico de una actividad enzimática, tal como por ejemplo de una Δ12-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o ω3-desaturasa.

Para la introducción se someten los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de una manera conocida ventajosamente a una amplificación y ligamiento. Preferentemente se procede de conformidad al protocolo de la Pfu-ADN-polimerasa o de una mezcla de Pfu/Taq-ADN-polimerasa. Los cebadores se seleccionan de conformidad a la secuencia que va a amplificarse. Los cebadores debían seleccionarse de manera conveniente de modo que el material amplificado comprenda la secuencia codogénica completa desde el codón de inicio hasta el codón de detención. Después de la amplificación se analiza convenientemente el material amplificado. Por ejemplo, el análisis puede realizarse según la separación electroforética en gel con respecto a la calidad y a la cantidad. A continuación, el material amplificado puede purificarse según un protocolo estándar (por ejemplo Qiagen). Una alícuota del material amplificado purificado se pone a disposición luego para la posterior clonación. Los vectores de clonación adecuados son conocidos en general para el experto. A éstos pertenecen en particular vectores que pueden replicarse en sistemas microbianos, es decir ante todo vectores que garantizan una clonación eficaz en levaduras u hongos, y hacen posible la transformación estable de plantas. Han de mencionarse en particular diferentes sistemas de vectores adecuados para la transformación mediada por ADN-T, binarios y co-integrados. Los sistemas de vectores de este tipo por regla general se caracterizan porque contienen al menos los genes vir que se requieren para la transformación mediada por Agrobacterium así como las secuencias que delimitan el ADN-T (T-DNA-border). Estos sistemas de vectores también comprenden preferentemente otras regiones cis-reguladoras, tales como promotores, pueden identificarse organismos. Mientras que los sistemas de vector co-integrados tienen genes vir y secuencias de ADN-T dispuestas en el mismo vector, los sistemas binarios se basan en al menos dos vectores, uno de los cuales lleva genes vir pero no ADN-T y un segundo lleva ADN-T, pero no genes vir. De esta manera, los

vectores mencionados en último lugar son relativamente pequeños, fáciles de manipular y de replicar tanto en *E. coli* como también en Agrobacterium. A estos vectores binarios pertenecen vectores de las series pBIB-HYG, pPZP, pBecks, pGreen. De acuerdo con la invención preferentemente se usan Bin19, pBin 19, pBinAR, pGPTV y pCAMBIA. Un resumen sobre vectores binarios y su uso lo proporciona Hellens y col, Trends in Plant Science (2000) 5, 446-451. Para la preparación de vectores pueden linealizarse los vectores en primer lugar con endonucleasa(s) de restricción y pueden modificarse enzimáticamente entonces de manera adecuada. Después se purifica el vector y se usa una alícuota para la clonación. En la clonación, el material amplificado cortado enzimáticamente y, si se requiere, purificado se clona con fragmentos de vector preparados de manera similar usando ligasa. A este respecto, una determinada construcción de ácido nucleico o construcción de vector o de plásmido puede presentar uno o también varios segmentos de gen codogénico. Preferentemente, los segmentos de gen codogénicos están enlazados funcionalmente en estas construcciones con secuencias reguladoras. A las secuencias reguladoras pertenecen en particular secuencias vegetales como los promotores y terminadores descritos anteriormente. Las construcciones pueden propagarse en condiciones selectivas de manera estable ventajosamente en microorganismos, en particular en *Escherichia coli* y *Agrobacterium tumefaciens* y permiten una transferencia de ADN heterólogo en plantas o microorganismos.

Con el uso ventajoso de vectores de clonación pueden introducirse los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, los ácidos nucleicos de la invención y construcciones de ácido nucleico en organismos, tales como microorganismos o ventajosamente plantas y con ello se usan en la transformación de plantas, como aquellas que se publican y se citan en: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), capítulo 6/7, pág. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; en: Transgenic Plants, volumen 1, Engineering and Utilization, ed.: Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; B. Jenes y col., Techniques for Gene Transfer, en: Transgenic Plants, volumen 1, Engineering and Utilization, ed.: Kung y R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)). Los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, los ácidos nucleicos de la invención y construcciones de ácido nucleico y/o vectores pueden usarse con ello para la modificación mediante ingeniería genética de un amplio espectro de organismos, ventajosamente de plantas, de modo éstas se vuelvan mejores y/o más eficaces productoras de PUFAs.

Existe una serie de mecanismos a través de los cuales es posible una modificación de la proteína Δ6-elongasa de acuerdo con la invención, así como de las otras proteínas usadas en el procedimiento, tales como las proteínas Δ12-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa o Δ4-desaturasa, de modo que debido a esta proteína modificada puede influirse directamente en el rendimiento, producción y/o eficacia de la producción de los ácidos grasos ventajosamente poliinsaturados, en una planta preferentemente en una planta oleaginosa o un microorganismo. El número o la actividad de las proteínas o genes de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa puede elevarse, de modo que se producen cantidades más grandes de los productos génicos y con ello por último cantidades más grandes de los compuestos de fórmula general I. También es posible una síntesis de novo en un organismo, en el que esté ausente la actividad y la capacidad para la biosíntesis de los compuestos antes de la introducción del correspondiente gen o de los correspondientes genes. Lo correspondiente es válido para la combinación con otras desaturasas o elongasas u otras enzimas del metabolismo de ácidos grasos y de lípidos. El uso de secuencias diferentes, divergentes, es decir secuencias que se diferencian al nivel de secuencia de ADN, también puede ser ventajoso o el uso de promotores para la expresión génica que hace posible una expresión génica temporal diferente, por ejemplo dependiente del grado de madurez de una semilla o de un tejido que almacena aceite.

Mediante la introducción de un gen de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa y/o Δ4-desaturasa en un organismo solo o en combinación con otros genes en una célula puede incrementarse no solo el flujo de biosíntesis hacia el producto final, sino que también puede incrementarse la correspondiente composición de triacilglicerina o crearse de novo. Igualmente puede incrementarse el número o la actividad de otros genes que en la importación de nutrientes son necesarios para la biosíntesis de uno o varios ácidos grasos, aceites, lípidos polares y/o neutros, de modo que sea elevada la concentración de estos precursores, cofactores o compuestos intermedios dentro de las células o dentro del compartimento de almacenamiento, de manera que aumenta además la capacidad de las células para la producción de PUFAs, tal como se describe a continuación. Mediante la optimización de la actividad o el incremento del número de uno o varios genes de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa, que participan en la biosíntesis de estos compuestos, o mediante la destrucción de la actividad de uno o varios genes que participan en la degradación de estos compuestos puede ser posible aumentar el rendimiento, producción y/o eficacia de la producción de moléculas de ácidos grasos y de lípidos a partir de organismo y ventajosamente a partir de plantas.

Las moléculas de ácido nucleico aisladas usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención codifican para proteínas o partes de éstas, conteniendo las proteínas o la proteína individual o partes de ésta una secuencia de aminoácidos que es suficientemente homóloga a una secuencia de aminoácidos que está representada en las secuencias SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID

NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184, de modo que las proteínas o partes de éstas presenten aún una actividad Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa. Preferentemente tienen las proteínas o partes de éstas, que se codifican por la molécula de ácido nucleico/las moléculas de ácido nucleico, aún su actividad enzimática esencial y la capacidad de participar en el metabolismo de compuestos necesarios para la construcción de membranas celulares o corpúsculos lipídicos en organismos, ventajosamente en plantas o en el transporte de moléculas a través de estas membranas. Ventajosamente, las proteínas codificadas por las moléculas de ácido nucleico son en al menos aproximadamente el 50 %, preferentemente al menos aproximadamente el 60 % y más preferentemente al menos aproximadamente el 70 %, 80 % o 90 % y lo más preferentemente al menos aproximadamente el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más idénticas a las secuencias de aminoácidos representadas en la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106 SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184. En el sentido de la invención ha de entenderse por homología u homólogo, identidad o idéntico.

La homología se calculó por toda la región de secuencia de aminoácidos o ácido nucleico. Para comparar las diferentes secuencias, para el experto se encuentra disponible una serie de programas que se basan en diferentes algoritmos. A este respecto, los algoritmos de Needleman y Wunsch o Smith y Waterman proporcionan resultados especialmente fiables. Para la comparación de secuencias se usó el programa PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360,1987, Higgins y col., CABIOS, 5 1989: 151-153) o los programas Gap y BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) y Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981)], que están contenidos en el paquete de software GCG [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711(1991)]. Los valores de homología de secuencias indicados en porcentaje se determinaron con el programa GAP por toda la región de secuencia con los siguientes ajustes: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10.000 y Average Mismatch: 0.000. Estos ajustes se usaron siempre, si no se indica algo diferente, como ajustes estándar para comparaciones de secuencias.

Por actividad enzimática esencial de las Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención ha de entenderse que éstas presentan en comparación con las proteínas/enzimas codificadas por la secuencia con SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 y sus derivados, en comparación aún al menos una actividad enzimática de al menos el 10 %, preferentemente el 20 %, de manera especialmente preferente del 30 % y muy especialmente del 40 % y con ello pueden participar en el metabolismo de compuestos necesarios para la construcción de ácidos grasos, ésteres de ácidos grasos tales como diacilglicéridos y/o triacilglicéridos en un organismo, ventajosamente una planta o célula vegetal o en el transporte de moléculas a través de membranas, refiriéndose a cadenas de carbono C_{18}, C_{20} o C_{22} en la molécula de ácido graso con dobles enlaces en al menos dos, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis posiciones.

Los ácidos nucleicos que pueden usarse ventajosamente en el procedimiento proceden de bacterias, hongos, diatomeas, animales tales como Caenorhabditis o Oncorhynchus o plantas tales como algas o musgos tales como loe géneros Shewanella, Physcomitrella, Thraustochytrium, Fusarium, Phytophthora, Ceratodon, Mantoniella, Ostreococcus, Isochrysis, Aleurita, Muscarioides, Mortierella, Borago, Phaeodactylum, Crypthecodinium, especialmente de los géneros y especies *Oncorhynchus mykiss*, *Xenopus laevis*, *Ciona intestinalis*, *Thalassiosira pseudonona*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus* sp., *Ostreococcus tauri*, *Euglena gracilis*, *Physcomitrella patens*,

Phytophtora infestans, *Fusarium graminaeum*, *Cryptocodinium cohnii*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Thraustochytrium* sp., *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Caenorhabditis elegans* o de manera especialmente ventajosa de *Oncorhynchus mykiss*, *Euglena gracilis*, *Thalassiosira pseudonana* o *Crypthecodinium cohnii*.

Como alternativa pueden usarse en el procedimiento de acuerdo con la invención secuencias de nucleótidos que codifican una Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa y que hibridan con una secuencia de nucleótidos, tal como se representa en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, ventajosamente en condiciones rigurosas.

Los ácidos nucleicos usados en el procedimiento se introducen ventajosamente en un casete de expresión que permite la expresión de los ácidos nucleicos en organismos, tales como microorganismos o plantas.

A este respecto, las secuencias de ácido nucleico que codifican la Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa, se enlazan funcionalmente con una o varias señales de regulación ventajosamente para aumentar la expresión génica. Estas secuencias reguladoras deben permitir la expresión dirigida de los genes y de la expresión de proteínas. Esto puede significar según el organismo huésped, por ejemplo, que el gen solo se expresa y/o sobre-expresa después de la inducción, o que se expresa y/o se sobre-expresa inmediatamente. Por ejemplo, en el caso de estas secuencias reguladoras se trata de secuencias en las que se unen inductores o represores y así regulan la expresión del ácido nucleico. Adicionalmente a estas nuevas secuencias de regulación o en lugar de estas secuencias, la regulación natural de estas secuencias puede estar presente todavía antes que los propios genes estructurales y eventualmente han sido modificados genéticamente, de modo que la regulación natural se desconectó y se elevó la expresión de los genes. El casete de expresión (= construcción de expresión = construcción génica) puede, sin embargo, estar construido de manera más simple; es decir, no se insertaron señales de regulación adicionales antes que la secuencia de ácido nucleico o sus derivados y no se separó el promotor natural con su regulación. En lugar de esto, la secuencia regulatoria natural mutó de modo que ya no se realiza la regulación y/o aumenta la expresión. Estos promotores modificados pueden introducirse en forma de secuencias parciales (= promotor con partes de las secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención) o también solos antes del gen natural para incrementar la actividad. La construcción génica también puede contener además, de manera ventajosa, una o varias de las denominadas “secuencias potenciadoras” enlazadas funcionalmente con el promotor, que permiten una expresión elevada de la secuencia de ácido nucleico. También pueden insertarse secuencias adicionales ventajosas en el extremo 3' de las secuencias de ADN como otros elementos reguladores o terminadores. Los genes de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o Δ9-elongasa pueden estar contenidos en una o varias copias en el casete de expresión (=construcción génica). Ventajosamente se encuentra solo en cada caso una copia de los genes en el casete de expresión. Esta construcción génica o las construcciones génicas pueden expresarse juntos en el organismo huésped. A este respecto, la construcción génica o las construcciones génicas pueden insertarse en uno o varios vectores y pueden encontrarse libres en la célula o, sin embargo, pueden insertarse en el genoma. Es ventajoso para la inserción de otros genes en el genoma huésped si los genes que van a expresarse se encuentran juntos en una construcción génica.

Las secuencias o factores reguladores pueden influir positivamente, a este respecto tal como se ha descrito anteriormente, preferentemente en la expresión génica de los genes introducidos y debido a ello pueden aumentarla. Así puede realizarse un refuerzo de los elementos reguladores de manera ventajosa a nivel de la transcripción, usando fuertes señales de transcripción tales como “promotores” y/o “potenciadores”. Además, sin embargo, también es posible un refuerzo de la traducción, mejorando por ejemplo la estabilidad del ARNm.

Otra forma de realización de la invención son una o varias construcciones génicas que contienen una o varias secuencias que están definidas mediante la SEQ ID NO: 45 o sus derivados y codifican para polipéptidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 46. Las mencionadas proteínas Δ6-elongasa conducen a este respecto ventajosamente a una elongación de ácidos grasos, presentando el sustrato ventajosamente uno, dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces y presentando ventajosamente 18, 20 o 22 átomos de carbono en la molécula de ácido graso. Lo mismo se aplica para sus homólogos, derivados o análogos, que están unidos de manera funcional con una o varias señales de regulación, ventajosamente para incrementar la expresión génica.

Se describen también una o varias construcciones génicas que contienen una o varias secuencias que están

definidas mediante la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105 SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o sus derivados y codifican para polipéptidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 148. Las mencionadas proteínas Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa conducen a este respecto ventajosamente a una desaturación o elongación de ácidos grasos, presentando el sustrato ventajosamente uno, dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces y presentando ventajosamente 18, 20 o 22 átomos de carbono en la molécula de ácido graso. Lo mismo se aplica para sus homólogos, derivados o análogos, que están unidos de manera funcional con una o varias señales de regulación, ventajosamente para incrementar la expresión génica.

Las secuencias de regulación ventajosas para el nuevo procedimiento se encuentran, por ejemplo, en promotores tales como el promotor cos, tac, trp, tet, trp-tet, lpp, lac, lpp-lac, laclq, T7, T5, T3, gal, trc, ara, SP6, A-PR o γ-PL y se aplican de manera ventajosa en bacterias Gram-negativas. Otras secuencias de regulación ventajosas se encuentran, por ejemplo, en los promotores Gram-positivos amy y SPO2, en los promotores de levadura o de hongo ADC1, MFα, AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH o en los promotores vegetales CaMV/35S [Franck y col., Cell 21 (1980) 285-294], PRP1 [Ward y col., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos o en el promotor de ubiquitina o faseolina. En este contexto también son ventajosos los promotores inducibles, tales como los promotores descritos en el documento EP-A-0 388 186 (inducibles por bencilsulfonamida), Plant J. 2, 1992:397-404 (Gatz y col., inducibles por tetraciclina), el documento EP-A-0 335 528 (inducibles por ácido abscísico) o el documento WO 93/21334 (inducibles por etanol o ciclohexenol). Otros promotores vegetales adecuados son el promotor de FBPasa citosólica o el promotor ST-LSI de la patata (Stockhaus y col., EMBO J. 8, 1989, 2445), el promotor de la fosforribosilpirofosfatamidotransferasa *Glycine max* (número de acceso de Genbank U87999) o el promotor específico de nodos descrito en el documento EP-A-0 249 676. Los promotores especialmente ventajosos son promotores que hacen posible la expresión en tejidos que intervienen en la biosíntesis de ácidos grasos. Son muy especialmente ventajosos los promotores específicos de semillas, tales como el promotor USP de acuerdo con la práctica, pero también otros promotores tales como el promotor LeB4, DC3, faseolina o napina. Otros promotores especialmente ventajosos son promotores específicos de semilla que pueden usarse para plantas monocotiledóneas o dicotiledóneas y se describen en el documento US 5.608.152 (promotor de napina de colza), el documento WO 98/45461 (promotor de oleosina de Arabidopsis), el documento US 5.504.200 (promotor de faseolina de *Phaseolus vulgaris*), el documento WO 91/13980 (promotor Bce4 de Brassica), por Baeumlein y col., Plant J., 2, 2, 1992:233-239 (promotor LeB4 de una leguminosa), siendo adecuados estos promotores para las dicotiledóneas. Los siguientes promotores son adecuados por ejemplo para monocotiledóneas, promotor lpt-2 o lpt-1 de cebada (documento WO 95/15389 y WO 95/23230), promotor Hordein de cebada y otros promotores adecuados descritos en el documento WO 99/16890.

En principio, para el nuevo procedimiento es posible usar todos los promotores naturales con sus secuencias de regulación, tales como los mencionados anteriormente. Asimismo es posible y ventajoso usar promotores sintéticos, ya sea adicionalmente o solos, especialmente cuando son mediadores en una expresión específica de semilla, tal como se describe, por ejemplo, en el documento WO 99/16890.

Para conseguir un contenido especialmente alto de PUFAs ante todo en plantas transgénicas, los genes de biosíntesis de PUFA debían expresarse ventajosamente de manera específica para semillas en semillas oleaginosas. Para ello pueden usarse promotores específicos de semillas, o aquellos promotores que son activos en el embrión y/o en la endosperma. Los promotores específicos de semillas pueden aislarse en principio tanto de las plantas dicotiledóneas como también de las monocotiledóneas. A continuación se exponen promotores ventajosos preferentes: USP (= *unknown seed protein*) y vicilina (*Vicia faba*) [Bäumlein y col., Mol. GenGenet., 1991, 225(3)], nabina (colza) [documento US 5.608.152], proteína portadora de acilo (colza) [documentos US 5.315.001 y WO 92/18634], oleosina (*Arabidopsis thaliana*) [documentos WO 98/45461 y WO 93/20216], faseolina (*Phaseolus vulgaris*) [documento US 5.504.200], Bce4 [documento WO 91/13980], leguminosas B4 (promotor LegB4) [Bäumlein y col., Plant J., 2,2, 1992], Lpt2 y lpt1 (cebada) [documentos WO 95/15389 y WO 95/23230], promotores específicos

de semillas a partir de arroz, maíz y trigo (documento WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 y aleuraína [documento US 5.677.474], Bce4 (colza) [documento US 5.530.149], glicinina (soja) [documento EP 571 741], fosfoenol-piruvato carboxilasa (soja) [documento JP 06/62870], ADR12-2 (soja) [documento WO 98/08962], isocitratliasa (colza) [documento US 5.689.040] o α-amilasa (cebada) [documento EP 781 849].

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

Para asegurar una integración estable de los genes de biosíntesis en la planta transgénica por varias generaciones, cada uno de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, que codifican la Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa y/o Δ4-desaturasa, debía expresarse bajo el control de un promotor propio, preferentemente un promotor diferente puesto que los motivos de secuencia que se repiten pueden conducir a la inestabilidad de ADN-T o a eventos de recombinación. El casete de expresión a este respecto está estructurado de modo que a un promotor le sigue un sitio de corte adecuado para la inserción del ácido nucleico que va a expresarse, ventajosamente en un poli-ligador y después eventualmente se encuentra un terminador detrás del poli-ligador. Esta secuencia se repite varias veces, preferentemente tres, cuatro o cinco veces, de modo que hasta cinco genes puedan combinarse en una construcción y así pueden introducirse en la planta transgénica para la expresión. La secuencia se repite ventajosamente hasta tres veces. Para la expresión, las secuencias de ácido nucleico se insertan detrás del promotor mediante los sitios de corte adecuados, por ejemplo en el poli-ligador. Cada secuencia de ácido nucleico tiene ventajosamente su propio promotor y, eventualmente, su propio terminador. Las construcciones ventajosas de este tipo se divulgan, por ejemplo, en el documento DE 10102337 o DE 10102338. Sin embargo también es posible insertar varias secuencias de ácido nucleico detrás de un promotor y, eventualmente, delante de un terminador. A este respecto, el sitio de inserción o la secuencia de los ácidos nucleicos insertados en el casete de expresión no es de importancia decisiva, es decir que una secuencia de ácido nucleico puede insertarse en la primera o en la última posición en el casete, sin que por esto la expresión se vea influida esencialmente. En el casete de expresión pueden usarse ventajosamente diferentes promotores, tales como por ejemplo el promotor USP, LegB4 o DC3, y diferentes terminadores. Sin embargo también es posible usar solo un tipo de promotor en el casete. Aunque esto puede conducir a eventos indeseados de recombinación.

Tal como se ha descrito anteriormente, la transcripción de los genes introducidos debía interrumpirse ventajosamente mediante terminadores adecuados en el extremo 3' de los genes de biosíntesis introducidos (detrás de un codón de terminación). En este caso puede usarse, por ejemplo, el terminador OCS1. Tal como es el caso para los promotores, para cada gen debían usarse así diferentes secuencias de terminador.

Tal como se ha descrito anteriormente, la construcción génica también puede comprender otros genes que deben introducirse en los organismos. Es posible y ventajoso introducir en los organismos huéspedes y expresar allí genes reguladores, tales como genes para inductores, represores o enzimas, que debido a su actividad enzimática intervienen en la regulación de uno o varios genes de una vía de biosíntesis. Estos genes pueden ser de origen heterólogo u homólogo. Además, otros genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos pueden estar contenidos ventajosamente en la construcción de ácido nucleico o en la construcción génica o sin embargo estos genes pueden encontrarse en otra o varias otras construcciones de ácido nucleico. Como genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos, ventajosamente se usan un gen seleccionado del grupo acil-CoA-dehidrogenasa(s), acil-ACP [=proteína portadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido grasos-acetilenasa(s), lipoxigenasa(s), triacilglicerol-lipasa(s), óxido de aleno-sintasa(s), hidroperóxido-liasa(s) o ácido graso-elongasa(s) o sus combinaciones. Las secuencias de ácido nucleico especialmente ventajosas son genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos seleccionados del grupo de la acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa, ω3-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ9-desaturasa, Δ12-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-elongasa y/o Δ9-elongasa.

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

Las secuencias o factores reguladores pueden influir positivamente, a este respecto tal como se ha descrito anteriormente, preferentemente en la expresión génica de los genes introducidos y debido a ello pueden aumentarla. Así puede realizarse un refuerzo de los elementos reguladores de manera ventajosa a nivel de la transcripción, usando fuertes señales de transcripción tales como promotores y/o potenciadores. Además, sin embargo, también es posible un refuerzo de la traducción, mejorando por ejemplo la estabilidad del ARNm. Los casetes de expresión pueden usarse en principio directamente para la introducción en la planta o sin embargo pueden introducirse en vectores.

Estos vectores ventajosos, preferentemente vectores de expresión, contienen los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, que codifican las Δ12-desaturasas, ω3-desaturasas, Δ9-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas, Δ5-elongasas o Δ4-desaturasas, o una construcción de ácido nucleico que contiene el ácido nucleico usado solo o en combinación con otros genes de biosíntesis del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos, tales como las acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasas, ω3-desaturasas, Δ4-desaturasas, Δ5-desaturasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ9-desaturasas, Δ12-desaturasas, ω-desaturasas, Δ5-elongasas, Δ6-elongasas y/o Δ9-elongasas. Tal como se usa en el presente documento, el término "vector" se refiere a una molécula de ácido nucleico que puede transportar otro ácido nucleico al cual está unido. Un tipo de vector es un "plásmido", que representa un bucle de ADN bicatenario circular en el que pueden ligarse segmentos de ADN adicionales. Otro tipo de vector es un vector viral, en cuyo caso pueden ligarse segmentos de ADN adicionales en el genoma viral. Determinados vectores pueden replicarse de manera autónoma en una célula huésped en la que se han introducido (por ejemplo, vectores de bacterias con origen de replicación bacteriano). Otros vectores se integran ventajosamente en el genoma de una célula huésped al introducirse en la célula huésped y de esta manera se replican junto con el genoma huésped. Además, determinados vectores pueden controlar la expresión de genes con los que están unidos funcionalmente. Estos vectores se denominan en el presente documento "vectores de expresión". Los vectores de expresión, que son adecuados para las técnicas de recombinación de ADN, tienen habitualmente la forma de plásmidos. En la presente descripción "plásmido" y "vector" pueden usarse de manera intercambiable puesto que el plásmido es la forma de vector que se usa con mayor frecuencia. Sin embargo, la invención debe comprender estas otras formas de vector de expresión, tales como vectores virales que ejercen funciones similares. Además, el término vector también debe comprender otros vectores que son conocidos para el experto, tales como fagos, virus tales como SV40, CMV, TMV, transposones, elementos IS, fásmidos, fagémidos, cósmidos, ADN lineales o circulares.

Los vectores de expresión recombinantes usados ventajosamente en el procedimiento comprenden los ácidos nucleicos descritos a continuación o la construcción génica descrita anteriormente en una forma que es adecuada para la expresión de los ácidos nucleicos usados en una célula huésped, lo cual significa que los vectores de expresión recombinantes comprenden una o varias secuencias de regulación seleccionadas basándose en las células huéspedes que van a usarse para la expresión, que están unidas funcionalmente con la secuencia de ácido nucleico que va a expresarse. En un vector de expresión recombinante, "unido funcionalmente" significa que la secuencia de nucleótidos de interés se une a la(s) secuencia(s) de regulación de manera que es posible la expresión de la secuencia de nucleótidos y se unen entre sí de modo que ambas secuencias cumplen la función pronosticada atribuida a la secuencia (por ejemplo, en un sistema de transcripción/traducción *in vitro* o en una célula huésped si el vector se introduce en la célula huésped). El término "secuencia de regulación" debe comprender promotores, potenciadores y otros elementos de control de la expresión (por ejemplo, señales de poliadenilación). Estas secuencias de regulación se describen, por ejemplo, en Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzimology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), o véase: Gruber und Crosby en: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnolgy, CRC Press, Boca Raton, Florida, ed.: Glick und Thompson, capítulo 7, 89-108, incluidas las citas bibliográficas en esto. Las secuencias de regulación comprenden aquéllas que controlan la expresión constitutiva de una secuencia de nucleótidos en muchos tipos de célula huésped, y aquéllas que controlan la expresión directa de la secuencia de nucleótidos solo en determinadas células huéspedes en determinadas condiciones. El experto sabe que la configuración del vector de expresión puede depender de factores tales como la elección de la célula huésped que va a transformarse, la extensión de la expresión de la proteína deseada, etc.

Los vectores de expresión recombinantes usados pueden configurarse para la expresión de Δ12-desaturasas, ω3-desaturasas, Δ9-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas, Δ5-elongasas y/o Δ4-desaturasas en células procariotas o eucariotas. Esto es ventajoso dado que las etapas intermedias de la construcción de vectores se realizan convenientemente con frecuencia en microorganismos. Por ejemplo pueden expresarse los genes de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa y/o Δ4-desaturasa en células bacterianas, células de insectos (usando vectores de expresión de Baculovirus), células de levadura y otras células de hongos (véase Romanos, M.A., y col. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., y col. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", en: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, ed., pág. 396-428: Academic Press: San Diego; y van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, en: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., y col., ed., pág. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), algas (Falciatore y col., 1999, Marine Biotechnology. 1, 3:239-251), ciliados de los tipos: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturaseudocohnilembus, Euplotes, Engelmaniella y Stylonychia, en particular del género *Stylonychia lemnae*, con vectores según un procedimiento de transformación, tal como se describe en el documento WO 98/01572, así como preferentemente en células de plantas pluricelulares (véase Schmidt, R. y Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, capítulo 6/7, pág. 71-119 (1993); F.F. White, B. Jenes y col., Techniques for Gene Transfer, en: Transgenic Plants, volumen 1, Engineering and Utilization, ed.: Kung y R. Wu, Academic Press (1993),128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (y las fuentes bibliográficas citadas allí)). Las células huéspedes adecuadas se discuten además en Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). El vector de

expresión recombinante puede transcribirse y traducirse *in vitro* como alternativa, por ejemplo usando secuencias de regulación de promotor T7 y T7-polimerasa.

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

Ejemplos de vectores de expresión de *E. coli* de no fusión inducibles adecuados son entre otros pTrc (Amann y col. (1988) Gene 69:301-315) y pET 11 d (Studier y col., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 60-89). La expresión del gen diana por el vector pTrc se basa en la transcripción polimerasa de ARN huésped de un promotor de fusión híbrido-trp-lac. La expresión del gen diana por el vector pET11d se basa en la transcripción de un promotor de fusión T7-gn10-lac, que está mediada por una polimerasa de ARN viral co-expresada (T7 gn1). Esta polimerasa viral está proporcionada por las cepas huéspedes BL21 (DE3) o HMS174 (DE3) de un λ-profago residente que aloja un gen T7 gn1 bajo el control de transcripción del promotor lacUV 5.

Otros vectores adecuados en organismos procariotas son conocidos por el experto, estos vectores están, por ejemplo, en *E. coli* pLG338, pACYC184, la serie pBR, tal como pBR322, la serie pUC, tal como pUC18 o pUC19, la serie M113mp, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III113-B1, λgt11 o pBdCI, en Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 o pIJ361, en Bacillus pUB110, pC194 o pBD214, en Corynebacterium pSA77 o pAJ667.

En otra forma de realización es el vector de expresión un vector de expresión de levadura. Ejemplos de vectores para la expresión en la levadura S. cerevisiae comprenden pYeDesaturasec1 (Baldari y col. (1987) Embo J. 6:229-234), pMFa (Kurjan y Herskowitz (1982) Cell 30:933-943), pJRY88 (Schultz y col. (1987) Gene 54:113-123) así como pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Los vectores y procedimientos para la construcción de vectores, que son adecuados para su uso en otras plantas, tales como los hongos filamentosos, comprenden aquéllos que se han descrito detalladamente en: van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, en: Applied Molecular Genetics of fungi, J.F. Peberdy y col., ed., pág. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, o en: More Gene Manipulations in Fungi [J.W. Bennet & L.L. Lasure, ed., pág. 396-428: Academic Press: San Diego]. Otros vectores de levadura adecuados son por ejemplo pAG-1, YEp6, YEp13 o pEMBLYe23.

Como alternativa pueden expresarse las Δ12-desaturasas, ω3-desaturasas, Δ9-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas, Δ5-elongasas y/o Δ4-desaturasas en células de insecto usando vectores de expresión de Baculovirus. Los vectores de Baculovirus que se encuentran disponibles para la expresión de proteínas en células de insectos cultivadas (por ejemplo, células Sf9) comprenden la serie pAc (Smith y col. (1983) Mol. Cell Biol.. 3:2156-2165) y la serie pVL (Lucklow y Summers (1989) Virology 170:31-39).

Los vectores mencionados anteriormente ofrecen únicamente un pequeño resumen de los posibles vectores adecuados. Otros plásmidos son conocidos por el experto y se describen, por ejemplo, en: Cloning Vectors (ed. Pouwels, P.H., y col., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Véanse otros sistemas de expresión adecuados para células procariotas o eucariotas en los capítulos 16 y 17 de Sambrook, J., Fritsch, E.F., y Maniatis, T., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª Edición, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

En otra forma de realización del procedimiento pueden expresarse las Δ12-desaturasas, ω3-desaturasas, Δ9-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas, Δ5-elongasas y/o Δ4-desaturasas en células vegetales unicelulares (tales como algas), véase Falciatore y col., 1999, Marine Biotechnology 1 (3):239-251 y los datos bibliográficos citados allí, y células vegetales de plantas superiores (por ejemplo espermatofitos, tales como frutos del campo). Ejemplos de vectores de expresión de plantas comprenden aquéllos que se describen detalladamente en: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., y Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", Plant Mol. Biol. 20:1195-1197; y Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", Nucl. Acids Res. 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; en: Transgenic Plants, volumen 1, Engineering and Utilization, ed.: Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, pág. 15-38.

Un casete de expresión de plantas contiene preferentemente secuencias de regulación, que pueden controlar la expresión génica en células vegetales y están unidas funcionalmente, de modo que cada secuencia puede cumplir su función, tal como terminación de la transcripción, por ejemplo señales de poliadenilación. Las señales de poliadenilación preferentes son aquéllas que proceden de ADN-T de *Agrobacterium tumefaciens*, tales como el gen 3 del plásmido Ti pTtACH5, conocido como octopina-sintasa (Gielen y col., EMBO J. 3 (1984) 835 y siguientes) o equivalentes funcionales de las mismas, sin embargo también son adecuados todos los otros terminadores activos funcionalmente en plantas.

Dado que la regulación de la expresión génica de planta no está muy frecuentemente limitada a niveles de transcripción, contiene un casete de expresión de planta preferentemente otras secuencias unidas funcionalmente, tales como potenciadores de traducción, por ejemplo la secuencia overdrive que contiene la secuencia líder no traducida en 5' del virus mosaico de tabaco que eleva la proporción proteína/ARN (Gallie y col., 1987, Nucl. Acids Research 15:8693-8711).

El gen de planta que va a expresarse debe estar unido, tal como se ha descrito anteriormente, funcionalmente con un promotor adecuado, que realiza la expresión génica de manera oportuna, específica para células o tejidos. Los promotores útiles son promotores constitutivos (Benfey y col., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), tales como aquéllos que proceden de vegetales/virus, como 35S CAMV (Franck y col., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (véanse también los documentos US 5352605 y WO 84/02913) o promotores de planta, tal como el promotor de la subunidad pequeña de la Rubisco descrito en el documento US 4.962.028.

Otras secuencias preferentes para su uso para la unión funcional en casetes de expresión de genes de plantas son secuencias dirigidas, que son necesarias para dirigir el producto génico en su correspondiente compartimento celular (véase un resumen en Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 y las referencias bibliográficas allí citadas), por ejemplo en las vacuolas, el número celular, todos los tipos de plástidos, tales como amiloplastos, cloroplastos, cromoplastos, el espacio extracelular, las mitocondrias, el retículo endoplasmático, cuerpos de aceite, peroxisomas y otros compartimientos de células vegetales.

La expresión génica de plantas también puede facilitarse, tal como se ha descrito anteriormente, mediante un promotor inducible químicamente (véase un resumen en Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Los promotores inducibles químicamente son adecuados especialmente si se desea que la expresión génica se realice de manera específica en el tiempo. Ejemplos de tales promotores son un promotor inducible por ácido salicílico (documento WO 95/19443), un promotor inducible por tetraciclina (Gatz y col. (1992) Plant J. 2, 397-404) y un promotor inducible por etanol.

También son promotores adecuados los promotores que reaccionan frente a condiciones de estrés bióticas o abióticas, por ejemplo el promotor de gen PRP1 inducido por patógeno (Ward y col., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), el promotor hsp80 de tomate, inducible por calor (documento US 5.187.267), el promotor alfa-amilasa de patata, inducible por frío (documento WO 96/12814) o el promotor pinII inducible por heridas (documento EP-A-0 375 091).

Se prefieren en particular aquellos promotores que provocan la expresión génica en tejidos y órganos, en los que tiene lugar la biosíntesis de ácidos grasos, lípidos y aceites, en células de semillas, tales como las células del endosperma y del embrión que se desarrolla. Los promotores adecuados son el promotor del gen de napina de colza (documento US 5.608.152), el promotor USP de *Vicia faba* (Baeumlein y col., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), el promotor de oleosina de Arabidopsis (documento WO 98/45461), el promotor faseolina de *Phaseolus vulgaris* (documento US 5.504.200), el promotor Bce4 de Brassica (documento WO 91/13980) o el promotor B4 de leguminosa (LeB4; Baeumlein y col., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) así como promotores que provocan la expresión específica de semillas en plantas monocotiledóneas, tales como maíz, cebada, trigo, centeno, arroz, etc. Promotores notables adecuados son el promotor del gen lpt2 o lpt1 de cebada (documentos WO 95/15389 y WO 95/23230) o los descritos en el documento WO 99/16890 (promotores del gen hordeína-cebada, del gen glutelina-arroz, del gen orizina-arroz, del gen prolamina-arroz, del gen gliadina-trigo, del gen glutelina-trigo, del gen zeína-maíz, del gen glutelina-avena, del gen kasirina-sorgo, del gen secalina-centeno).

En particular puede desearse la expresión multiparalela de las Δ12-desaturasas, ω3-desaturasas, Δ9-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ8-desaturasas, Δ6-elongasas, Δ5-desaturasas, Δ5-elongasas y/o Δ4-desaturasas usadas en el procedimiento. La introducción de tales casetes de expresión puede realizarse mediante una transformación simultánea de varias construcciones de expresión individuales o preferentemente mediante combinación de varios casetes de expresión en una construcción. También pueden transformarse varios vectores con en cada caso varios casetes de expresión y transferirse a la célula huésped.

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

El ADN vector puede introducirse en células procariotas o eucariotas mediante técnicas convencionales de transformación o transfección. Los términos "transformación" y "transfección", conjugación y transducción, tal como se usan en el presente documento, deben comprender una gran cantidad de procedimientos conocidos en el estado de la técnica para la introducción de ácido nucleico foráneo (por ejemplo ADN) en una célula huésped, incluyendo la co-precipitación con fosfato de calcio o cloruro de calcio, transfección mediada por DEAE-dextrano, lipofección, competencia natural, transferencia mediada químicamente, electroporación o bombardeo de partículas. Los procedimientos adecuados para la transformación o transfección de células huéspedes, incluyendo células vegetales, pueden encontrarse en Sambrook y col. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2ª edición, Cold

Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) y otros manuales de laboratorio, tales como Methods in Molecular Biology, 1995, volumen 44, Agrobacterium protocols, ed.: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

Las células huéspedes que son adecuadas en principio para alojar el ácido nucleico de acuerdo con la invención, el producto génico de acuerdo con la invención o el vector de acuerdo con la invención son todas organismos procariotas o eucariotas no humanos. Los organismos huéspedes usados de manera ventajosa son microorganismos, tales como hongos o levaduras o células vegetales, preferentemente plantas o partes de las mismas. Los hongos, levaduras o plantas se usan preferentemente, prefiriéndose especialmente plantas, prefiriéndose muy especialmente plantas tales como plantas oleaginosas que contienen grandes cantidades de compuestos lipídicos, tales como colza, onagra, cáñamo, cardo, cacahuete, canola, lino, soja, cártamo, girasol, borraja, o plantas tales como maíz, trigo, centeno, avena, triticale, arroz, cebada, algodón, yuca, pimienta, tagetes, plantas solanáceas tales como patata, tabaco, berenjena y tomate, especies de Vicia, guisantes, alfalfa, plantas arbustos (café, cacao, té), especies de Salix, árboles (palma oleífera, coco) así como pastos perennes y plantas forrajeras del campo. Las plantas de acuerdo con la invención especialmente preferentes son plantas oleaginosas, tales como soja, cacahuete, colza, canola, lino, cáñamo, onagra, girasol, cártamo, árboles (palma oleífera, coco).

Se divulgan, tal como se ha descrito anteriormente, ácidos nucleicos aislados con una secuencia que codifica polipéptidos con actividad Δ5-elongasa, convirtiendo la elongasa codificada por las secuencias de ácido nucleico ácidos grasos C_{16} y C_{18} con un doble enlace y ventajosamente ácidos grasos C_{18} poliinsaturados con un doble enlace en Δ6 y ácidos grasos C_{20} poliinsaturados con un doble enlace en Δ5. Los ácidos grasos C_{22} no se alargan.

Los ácidos nucleicos aislados divulgados están representados mediante secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos con actividad Δ5-elongasa y que contienen una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo de una secuencia de aminoácidos con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 o SEQ ID NO: 142.

Otros ácidos nucleicos aislados descritos están representados mediante secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos con actividad Δ5-elongasa y que contienen una combinación de las secuencias de aminoácidos seleccionadas del grupo:

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

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

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

Las secuencias de ácido nucleico preferentes, que codifican polipéptidos con actividad Δ5-elongasa, contienen ventajosamente las secuencias de aminoácidos mencionadas anteriormente. Éstas se describen en detalle en la tabla 2.

Los ácidos nucleicos aislados especialmente interesantes están representados mediante secuencias seleccionadas del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ 10 NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133 que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 o SEQ ID NO: 134 y presentan una actividad Δ5-elongasa.

A continuación se enumeran secuencias de ácido nucleico que codifican Δ6-elongasas, ω3-desaturasas, Δ6-desaturasas, Δ5-desaturasas, Δ4-desaturasas o Δ12-desaturasas.

Otros ácidos nucleicos aislados están representados mediante secuencias seleccionadas del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, o SEQ ID NO: 111, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82 o SEQ ID NO: 112 y presentan una actividad Δ6-elongasa.

Ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad ω3-desaturasa, seleccionados del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad ω3-desaturasa.

Ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ6-desaturasa, seleccionados del grupo:

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

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

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 97, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98 y presentan una actividad Δ6-desaturasa.

Ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ5-desaturasa, seleccionados del grupo:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o in SEQ ID NO: 101,

b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o en la SEQ ID NO: 102 o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o con la SEQ ID NO: 102 y presentan una actividad Δ5-desaturasa.

Ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ4-desaturasa, seleccionados del grupo:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 95 o en la SEQ ID NO: 103

b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104 o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 95 o SEQ ID NO: 103, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104 y presentan una actividad Δ6-desaturasa.

Ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ12-desaturasa, seleccionados del grupo:

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

b) secuencias de ácido nucleico que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 o

c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que

codifican polipéptidos con al menos el 50 % de homología a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad Δ12-desaturasa.

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

Ventajosamente proceden las secuencias de ácido nucleico aisladas mencionadas anteriormente del orden Salmoniformes, Xenopus o Ciona, los géneros de diatomeas Thalassiosira o Crythecodinium o de la familia de Prasinophyceae, tal como el género Ostreococcus o de la familia Euglenaceae, tal como el género Euglena o Pythiaceae, tal como el género Phytophtora.

Además se describen ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad ω3-desaturasa, convirtiendo las ω3-desaturasas codificadas por las secuencias de ácido nucleico ácidos grasos C_{18}, C_{20} y C_{22} con dos, tres, cuatro o cinco dobles enlaces y ventajosamente ácidos grasos C_{18} poliinsaturados con dos o tres dobles enlaces y ácidos grasos C_{20} poliinsaturados con dos, tres o cuatro dobles enlaces. Se desaturan también ácidos grasos C_{22} con cuatro o cinco dobles enlaces.

Se describen también ácidos nucleicos aislados con secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ12-desaturasa, Δ4-desaturasas, Δ5-desaturasas y Δ6-desaturasas, convirtiendo las Δ12-desaturasas, Δ4-desaturasas, Δ5-desaturasas o Δ6-desaturasas codificadas por estas secuencias de ácido nucleico ácidos grasos C_{18}, C_{20} y C_{22} con uno, dos, tres, cuatro o cinco dobles enlaces y ventajosamente ácidos grasos C_{18} poliinsaturados con uno, dos o tres dobles enlaces, tales como $C_{18:1}^{\Delta 9}$, $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$ o $C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$, ácidos grasos C_{20} poliinsaturados con tres o cuatro dobles enlaces, tales como $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$ o $C_{20:4}^{\Delta 8,11,14,17}$ o ácidos grasos C_{22} poliinsaturados con cuatro o cinco dobles enlaces, tales como $C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$ o $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$. Ventajosamente se desaturan los ácidos grasos en los fosfolípidos o ésteres de CoA-ácidos grasos, ventajosamente en los ésteres de CoA-ácidos grasos.

El término “(molécula de) ácido nucleico”, tal como se usa en el presente documento, comprende además en una forma de realización ventajosa la secuencia no traducida en el extremo 3’ y en el extremo 5’ de la región codificante del gen: al menos 500 preferentemente 200, de manera especialmente preferente 100 nucleótidos de la secuencia hacia arriba del extremo 5’ de la región codificante y al menos 100, preferentemente 50, de manera especialmente preferente 20 nucleótidos de la secuencia hacia abajo del extremo 3’ de la región codificante del gen. Una molécula de ácido nucleico “aislada” se separa de las otras moléculas de ácido nucleico, que se encuentran en la fuente natural del ácido nucleico. Un ácido nucleico “aislado” preferentemente no tiene secuencias que flanquee naturalmente el ácido nucleico en el ADN genómico del organismo, del cual procede el ácido nucleico (por ejemplo secuencias que se encuentran en los extremos 5’ y 3’ del ácido nucleico). En diferentes formas de realización, la molécula aislada Δ6-elongasa pueden contener, por ejemplo, menos de aproximadamente 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb o 0,1 kb de secuencias de nucleótidos que flanquean naturalmente la molécula de ácido nucleico en el ADN genómico de la célula de la cual procede el ácido nucleico.

Las moléculas de ácido nucleico usadas en el procedimiento, por ejemplo una molécula de ácido nucleico con una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o una parte de la misma, puede aislarse usando técnicas convencionales de biología molecular y la información de secuencias proporcionada aquí. Con ayuda de algoritmos de comparación, también puede identificarse, por ejemplo, una secuencia homóloga o una región de secuencia conservada, homóloga a nivel de ADN o de aminoácidos. Estas pueden usarse como sondas de hibridación así como técnicas de hibridación convencionales (tal como se describen, por ejemplo, en Sambrook y col., Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) para aislar otras secuencias de ácido nucleico útiles en el procedimiento. Además, una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia completa de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o una parte de la misma, puede aislarse mediante reacción en cadena

de la polimerasa, en cuyo caso se usan cebadores de oligonucleótidos que se basan en la base de esta secuencia o partes de la misma (por ejemplo, una molécula de ácido nucleico que comprende la secuencia completa o una parte de la misma puede aislarse mediante reacción en cadena de la polimerasa usando cebadores de oligonucleótidos que se han generado en base a esta misma secuencia). Por ejemplo puede aislarse ARNm de células (por ejemplo, mediante el procedimiento de extracción de guanidiniotiocianato de Chirgwin y col. (1979) Biochemistry 18:5294-5299) y puede prepararse ADNc mediante transcriptasa inversa (por ejemplo transcriptasa inversa de Moloney-MLV, obtenible de Gibco/BRL, Bethesda, MD, o transcriptasa inversa de AMV, obtenible de Seikagaku America, Inc., St.Petersburg, FL). Los cebadores de oligonucleótidos sintéticos para la amplificación por medio de reacción en cadena de la polimerasa pueden generarse basándose en una de las secuencias mostradas en SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o con ayuda de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184. Un ácido nucleico de acuerdo con la invención puede amplificarse usando ADNc o como alternativa ADN genómico como matriz y cebadores de oligonucleótidos adecuados de acuerdo con técnicas de amplificación por PCR convencionales. El ácido nucleico así amplificado puede clonarse en un vector adecuado y caracterizarse por medio de análisis secuencial de ADN. Los oligonucleótidos que corresponden a una secuencia de nucleótidos de desaturasa pueden prepararse mediante procedimientos de síntesis convencionales, por ejemplo con un aparato automático de síntesis de ADN.

Los homólogos de las secuencias de ácido nucleico de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa usadas con la secuencia SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 significan, por ejemplo, variantes alélicas con al menos aproximadamente el 50 % o el 60 %, preferentemente al menos aproximadamente el 60 % al 70 %, más preferentemente al menos aproximadamente el 70 %, 80 %, 90 % o el 95 % y aún más preferentemente al menos aproximadamente el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de identidad u homología con una secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o sus homólogos, derivados o análogos o partes de los mismos. Además son moléculas de ácido nucleico aisladas una secuencia de nucleótidos que hibrida con una de las secuencias de nucleótidos mostradas en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID

NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o una parte de las mismas, por ejemplo en condiciones rigurosas. Por una parte de acuerdo con la invención ha de entenderse a este respecto que se usan al menos 25 pares de bases (=pb), 50 pb, 75 pb, 100 pb, 125 pb o 150 pb, preferentemente al menos 175 pb, 200 pb, 225 pb, 250 pb, 275 pb o 300 pb, de manera especialmente preferente 350 pb, 400 pb, 450 pb, 500 pb o más pares de bases para la hibridación. Puede usarse también ventajosamente la secuencia total. Las variantes alélicas comprenden en particular variantes funcionales, que pueden obtenerse mediante deleción, inserción o sustitución de nucleótidos de/en la secuencia representada en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, siendo el objetivo sin embargo que se mantenga ventajosamente la actividad enzimática de las proteínas sintetizadas que proceden de esto para la inserción de uno o varios genes. Las proteínas que tienen aún la actividad enzimática de la Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa, es decir su actividad no se ha reducido esencialmente, significan proteínas con al menos el 10 %, preferentemente el 20 %, de manera especialmente preferente el 30 %, de manera muy especialmente preferente el 40 % de la actividad enzimática original, en comparación con la proteína codificada por la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183.

La homología se calculó por toda la región de secuencia de aminoácidos o de ácido nucleico. Para la comparación de distintas secuencias, el experto tiene disponible una serie de programas que se basan en algoritmos diferentes. A este respecto, los algoritmos de Needleman y Wunsch o Smith y Waterman proporcionan resultados especialmente fiables. Para la comparación de las secuencias se usó el programa PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins y col., CABIOS, 5,1989: 151-153) o el programa Gap y BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) y Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981)], los cuales están contenidos en el paquete de software GCG [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)]. Los valores de homología de secuencia indicados anteriormente en porcentaje se determinaron con el programa GAP por toda la región de secuencia con los siguientes ajustes: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10.000 y Average Mismatch: 0.000. Los cuales se usaron siempre para comparaciones de secuencia como ajustes estándares si no se indica lo contrario.

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

Los homólogos de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID

NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 significan también derivados, tal como por ejemplo variantes de promotor. Los promotores hacia arriba de las secuencias de nucleótidos indicadas pueden modificarse por uno o varios intercambios de nucleótidos, por inserción(es) y/o deleción(es), no obstante sin que la funcionalidad o la actividad de los promotores se perturbe. Además es posible que la actividad de los promotores se eleve por modificación de su secuencia o que se reemplacen completamente por promotores más activos, incluso de organismos heterólogos.

Los ácidos nucleicos y moléculas de proteína mencionados anteriormente con actividad Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa y/o Δ4-desaturasa, que intervienen en el metabolismo de lípidos y de ácidos grasos, cofactores de PUFA y enzimas o en el transporte de compuestos lipófilos a través de las membranas, se usan en el procedimiento de acuerdo con la invención para la modulación de la producción de PUFAs en organismos transgénicos, ventajosamente en plantas, tales como maíz, trigo, centeno, avena, triticale, arroz, cebada, habas de soja, cacahuete, algodón, especies de lino, tales como lino de aceite o de fibra, especies Brassica, tales como colza, canola y nabina, pimienta, girasol, borraja, onagra y tagetes, plantas solanáceas, tales como patata, tabaco, berenjena y tomate, especies Vicia, guisantes, yuca, alfalfa, plantas de arbustos (café, cacao, té), especies Salix, árboles (palma oleífera, coco) y pastos perennes y plantas forrajeras del campo, ya sea directamente (por ejemplo si la sobre-expresión o la optimización de una proteína de biosíntesis de ácidos grasos tiene una influencia directa en el rendimiento, producción y/o eficacia de la producción del ácido graso a partir de organismos modificados) y/o pueden tener un efecto indirecto que no obstante conduce a un incremento del rendimiento, producción y/o eficacia de la producción de los PUFA o a una reducción de compuestos indeseados (por ejemplo cuando la modulación del metabolismo de lípidos y de ácidos grasos, cofactores y enzimas conduce a modificaciones del rendimiento, producción y/o eficacia de la producción o de la composición de los compuestos deseados dentro de las células, lo cual a su vez puede influir en la producción de uno o de varios ácidos grasos).

La combinación de diferentes moléculas precursoras y enzimas de biosíntesis conduce a la producción de diferentes moléculas de ácido graso, lo cual tiene un efecto decisivo en la composición de los lípidos. Puesto que los ácidos grasos poliinsaturados (= PUFAs) no solo se incorporan simplemente en la triacilglicerina sino también en lípidos de membrana. Especialmente para la preparación de PUFAs, por ejemplo ácido estearidónico, ácido eicosapentaenoico y ácido docosahexaenoico son adecuadas Brasicaceae, boraginaceas, primulaceas, o linaceas. De manera especialmente ventajosa es adecuado el lino (*Linum usitatissimum*) para la preparación de PUFAS ventajosamente con las secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención, tal como se ha descrito, en combinación con otras desaturasas y elongasas.

La síntesis de lípidos puede dividirse en dos secciones: la síntesis de ácidos grasos y su enlace a sn-glicerina-3-fosfato y la adición o modificación de un grupo de cabeza polar. Los lípidos usuales que se usan en membranas comprenden fosfolípidos, glicolípidos, esfingolípidos y fosfoglicéridos. La síntesis de ácidos grasos comienza con la conversión de acetil-CoA en malonil-CoA mediante la acetil-CoA-carboxilasa o en acetil-ACP mediante la acetiltransacilasa. Después de una reacción de condensación éstas dos moléculas de producto forman juntas acetoacetil-ACP, que se convierte mediante una serie de reacciones de condensación, reducción y deshidratación, de modo que se obtiene una molécula de ácido graso saturada con la longitud de cadena deseada. La producción de los ácidos grasos insaturados a partir de estas moléculas se cataliza por desaturasas específicas, y ya sea aeróbicamente por medio de oxígeno molecular o anaeróbicamente (con respecto a la síntesis de ácidos grasos en microorganismos véase F.C. Neidhardt y col. (1996) E. coli und Salmonella. ASM Press: Washington, D.C., pág. 612-636 y las referencias bibliográficas allí contenidas; Lengeier y col. (ed.) (1999) Biology of Procaryotes. Thieme: Stuttgart, New York, y las referencias bibliográficas contenidas, así como Magnuson, K., y col. (1993) Microbiological Reviews 57:522-542 y las referencias bibliográficas contenidas). Para las elongaciones posteriores, los ácidos grasos enlazados a fosfolípidos así preparados deben transferirse de nuevo a continuación desde los fosfolípidos a la fuente de ésteres de ácido graso-CoA. Esto se hace posible por las acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasas. Además, estas enzimas pueden transferir los ácidos grasos elongados de nuevo desde los ésteres de CoA a los fosfolípidos. Esta secuencia de reacción puede transcurrir opcionalmente varias veces.

Los precursores para la biosíntesis de PUFA son, por ejemplo, ácido oleico, ácido linoleico y ácido linolénico. Estos ácidos grasos de carbono C_{18} deben alargarse hasta obtener C_{20} y C_{22}, para que se obtengan ácidos grasos del tipo de cadenas eicosa y docosa. Con ayuda de las desaturasas usadas en el procedimiento, tales como las Δ12-, ω3-, Δ4-, Δ5-, Δ6- y Δ8-desaturasas y/o de las Δ5-, Δ6-, Δ9-elongasas pueden prepararse el ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico, ácido docosapentaenoico o ácido docosahexaenoico, ventajosamente el ácido eicosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico y a continuación pueden usarse para distintos fines en aplicaciones de productos alimenticios, piensos, cosméticas o farmacéuticas. Con las enzimas mencionadas pueden prepararse ácidos grasos C_{20} y/o C_{22} con al menos dos, ventajosamente al menos tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferentemente ácidos grasos C_{20} o C_{22} con ventajosamente cuatro, cinco o seis dobles enlaces en la molécula de ácido graso. La desaturación puede realizarse antes o después de la elongación del ácido graso correspondiente. Por lo tanto, los productos de las actividades de desaturasa y de la desaturación y elongación adicionales posibles conducen a PUFAs preferentes con grado de desaturación superior, incluida una elongación más de ácidos grasos C_{20} a C_{22}, para dar ácidos grasos tales como ácido γ-linolénico, ácido dihomo-γ-linolénico, ácido araquidónico, ácido estearidónico, ácido eicosatetraenoico o ácido eicosapentaenoico. Los

sustratos de las desaturasas y elongasas usadas en el procedimiento de acuerdo con la invención son ácidos grasos C_{16}, C_{18} o C_{20}, tales como por ejemplo ácido linoleico, ácido γ-linolénico, ácido α-linolénico, ácido dihomo-γ-linolénico, ácido eicosatetraenoico o ácido estearidónico. Los sustratos preferentes son ácido linoleico, ácido γ-linolénico y/o ácido α-linolénico, ácido dihomo-γ-linolénico o ácido araquidónico, ácido eicosatetraenoico o ácido eicosapentaenoico. Los ácidos grasos C_{20} o C_{22} sintetizados con al menos dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces en el ácido grasos se producen en el procedimiento de acuerdo con la invención en forma de ácido graso libre o en forma de sus ésteres, por ejemplo en forma de sus glicéridos.

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

Por un “glicérido” en el sentido del procedimiento de acuerdo con la invención se entiende además derivados de la glicerina. A esto pertenecen, además de los glicéridos de ácido graso descritos anteriormente, también glicerofosfolípidos y gliceroglicolípidos. Preferentemente se mencionan en el presente documento a modo de ejemplo los glicerofosfolípidos, tales como lecitina (fosfatidilcolina), cardiolipina, fosfatidilglicerina, fosfatidilserina y alquilacilglicerofosfolípidos.

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

Ciertas publicaciones sobre la biosíntesis de ácidos grasos de plantas, la desaturación, el metabolismo de lípidos y el transporte de membrana de los compuestos que contienen grasa, la betaoxidación, la modificación de ácidos grasos y los cofactores, el almacenamiento de triacilglicerina y el ensamblamiento de la misma, incluso las citas bibliográficas allí citadas véanse en los siguientes artículos: Kinney, 1997, Genetic Engeneering, ed.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge y Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin y Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engeneering, ed.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256:181-186; Kunau y col., 1995, Prog. Lipid Res. 34:267-342; Stymne y col., 1993, en: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, ed.: Murata y Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1):1-16.

Los PUFAs preparados en el procedimiento comprenden un grupo de moléculas que los animales superiores ya no pueden sintetizar y por consiguiente deben ingerirse o los animales superiores ya no pueden producir ellos mismos de manera suficiente y por consiguiente deben ingerir adicionalmente a pesar de que pueden sintetizarse fácilmente por otros organismos como bacterias, por ejemplo, los gatos ya no pueden sintetizar el ácido araquidónico.

Por “fosfolípidos” en el sentido de la invención ha de entenderse fosfatidilcolina, fosfatidiletanolamina, fosfatidilserina, fosfatidilglicerina y/o fosfatidilinositol, de manera ventajosa fosfatidilcolina. Los términos producción o productividad son conocidos en el campo técnico y comprenden la concentración del producto de fermentación (compuestos de la fórmula I) que se forma en un determinado intervalo de tiempo y en un determinado volumen de fermentación (por ejemplo, kg de producto por hora por litro). Está comprendida también la productividad dentro de una célula vegetal o de una planta, es decir el contenido de los ácidos grasos deseados preparados en el procedimiento con respecto al contenido en todos los ácidos grasos en esta célula o planta. El término eficacia de la producción comprende el tiempo que es necesario para alcanzar una determinada cantidad de producción (por ejemplo, cuánto necesita la célula para establecer una cierta rata de rendimiento de un producto químico fino). El término rendimiento o rendimiento de producto/carbono es conocido en el campo especializado y comprende la eficacia de la conversión de la fuente de carbono en el producto (es decir, el producto químico fino). Esto se expresa usualmente, por ejemplo, como kg de producto por kg de fuente de carbono. Incrementando el rendimiento o producción del compuesto, la cantidad de moléculas obtenidas o de las moléculas obtenidas adecuadas de este compuesto en una cierta cantidad de cultivo se incrementa durante un intervalo de tiempo establecido. Los términos biosíntesis o vía de biosíntesis son conocidos en el campo especializado y comprenden la síntesis de un compuesto, preferentemente de un compuesto orgánico, por parte de una célula a partir de compuestos intermedios, por ejemplo en un proceso de varias etapas y fuertemente regulado. Los términos catabolismo o vía catabólica son conocidos en el campo especializado y comprenden la disociación de un compuesto, preferentemente de un compuesto orgánico por parte de una célula para dar catabolitos (dicho en general, moléculas más pequeñas o menos complejas), por ejemplo en un proceso de varias etapas y fuertemente regulado. El término metabolismo es conocido en el campo especializado y comprende la totalidad de las reacciones bioquímicas que tienen lugar en el organismo. El metabolismo de un determinado compuesto (por ejemplo, el metabolismo de un ácido graso) comprende entonces la totalidad de las vías biosintéticas, de modificación y catabólicas de este compuesto en la célula, a las que hace referencia este compuesto.

En otras formas, los derivados codificantes de la molécula de ácido nucleico reproducen en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ

ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 proteínas con al menos el 40 %, de manera ventajosa aproximadamente el 50 % o el 60 %, preferentemente al menos aproximadamente el 60 % o el 70 % y más preferentemente al menos aproximadamente el 70 % o el 80 %, del 80 % al 90 %, del 90 % al 95 % y lo más preferentemente al menos aproximadamente el 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de homología (= identidad) con respecto a una secuencia de aminoácidos completa de la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 o SEQ ID NO: 184. La homología se calculó por toda la región de secuencia de aminoácidos o de ácido nucleico. Para la comparación de secuencias se usó el programa PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360,1987, Higgins y col., CABIOS, 5 1989: 151-153) o los programas Gap y BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) y Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981)]. Los valores de homología de secuencia indicados anteriormente en porcentaje se determinaron con el programa BestFit por toda la región de secuencia con los siguientes ajustes: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10.000 y Average Mismatch: 0.000. Los cuales se usaron siempre para comparaciones de secuencia como ajustes estándares si no se indica lo contrario.

La divulgación comprende además moléculas de ácido nucleico, que se diferencian de una de las secuencias de nucleótidos mostradas en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 (y partes de las mismas) debido al código genético degenerado y por consiguiente codifican la misma Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ6-elongasa o Δ5-elongasa que aquélla que se codifica por las secuencias de nucleótidos mostradas en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183.

Adicionalmente a las Δ12-desaturasas, ω3-desaturasas, Δ5-elongasas, Δ6-desaturasas, Δ5-desaturasas, Δ4-desaturasas o Δ6-elongasas mostradas en SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 reconoce el experto que los polimorfismos de secuencias de ADN, que conducen a modificaciones en las secuencias de aminoácidos de la Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa y/o Δ6-elongasa, pueden existir dentro de una población. Estos polimorfismos genéticos en el gen de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa y/o Δ6-elongasa pueden existir entre individuos dentro una población debido a la variación natural. Estas variantes naturales provocan habitualmente una varianza del 1 % al 5 % en la secuencia de nucleótidos del gen de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa y/o Δ6-elongasa. Todas y todas estas variaciones de nucleótidos y polimorfismos de aminoácidos que resultan de esto en la Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa y/o Δ6-elongasa, que son el resultado de la variación natural y no modifican la actividad funcional, deben estar contenidos en el alcance de la invención.

Las moléculas de ácido nucleico ventajosas para el procedimiento de acuerdo con la invención pueden aislarse basándose en su homología a los ácidos nucleicos de Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ5-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa y/o Δ6-elongasa divulgados en el presente documento usando las secuencias o una parte de las mismas como sonda de hibridación de acuerdo con técnicas convencionales de hibridación en condiciones de hibridación rigurosas. A este respecto pueden usarse por ejemplo moléculas de ácido nucleico aisladas, que tienen una longitud de al menos 15 nucleótidos y en condiciones rigurosas hibridan con las moléculas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183. Pueden usarse también ácidos nucleicos al menos de 25, 50, 100, 250 o más

nucleótidos. El término “hibridado en condiciones rigurosas”, tal como se usa en el presente documento, debe describir condiciones de hibridación y de lavado en las cuales secuencias de nucleótidos que son homólogas entre sí en al menos el 60 % permanecen habitualmente hibridadas entre sí. Las condiciones son preferentemente de tal tipo que las secuencias que son homólogas entre sí en al menos aproximadamente el 65 %, más preferentemente en al menos aproximadamente el 70 % y aún más preferentemente en al menos aproximadamente el 75 % o más, permanecen habitualmente hibridadas entre sí. Estas condiciones rigurosas son conocidas para el experto y pueden encontrarse en Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989). 6.3.1-6.3.6. Un ejemplo preferente, no limitativo de condiciones de hibridación rigurosas son hibridaciones en 6 x cloruro de sodio / citrato de sodio (sodium chloride/sodium citrate = SSC) a aproximadamente 45 ºC, seguidas de una o varias etapas de lavado en 0,2 x SSC, 0,1 % SDS a de 50 a 65 ºC. El experto conoce que estas condiciones de hibridación difieren dependiendo del tipo del ácido nucleico y, si están presentes por ejemplo disolventes orgánicos, con respecto a la temperatura y a la concentración del tampón. En “condiciones de hibridación convencionales”, dependiendo del ácido nucleico, la temperatura difiere entre 42 ºC y 58 ºC en tampón acuoso con una concentración de 0,1 a 5 x SSC (pH 7,2). Si un disolvente orgánico está presente en el tampón mencionado anteriormente, por ejemplo formamida al 50 %, en condiciones convencionales, la temperatura es de aproximadamente 42 ºC. Para híbridos de ADN:ADN las condiciones de hibridación son preferentemente, por ejemplo, 0,1 x SSC y de 20 ºC a 45 ºC, preferentemente entre 30 ºC y 45 ºC. Preferentemente, las condiciones de hibridación para híbridos de ADN:ARN son, por ejemplo, 0,1 x SSC y de 30 ºC a 55 ºC, preferentemente entre 45 ºC y 55 ºC. Las temperaturas de hibridación mencionadas anteriormente, por ejemplo, se determinan para un ácido nucleico con aproximadamente 100 pb (= pares de bases) de longitud y un contenido en G + C del 50 % en ausencia de formamida. El experto sabe cómo pueden determinarse las condiciones de hibridación requeridas por medio de libros de texto, tales como los mencionados anteriormente o los siguientes libros de texto Sambrook y col., “Molecular Cloning”, Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames y Higgins (ed.) 1985, “Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach”, IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (ed.) 1991, “Essential Molecular Biology: A Practical Approach”, IRL Press at Oxford University Press, Oxford.

Para la determinación de la homología porcentual (= identidad) de dos secuencias de aminoácidos (por ejemplo una de las secuencias de la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 o SEQ ID NO: 184) o de dos ácidos nucleicos (por ejemplo SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183) las secuencias se escriben una bajo la otra para propósitos de comparación óptima (por ejemplo, pueden introducirse vacíos en la secuencia de una proteína o de un ácido nucleico para generar un alineamiento óptimo con la otra proteína o el otro ácido nucleico). Los restos de aminoácido o nucleótidos en las posiciones de aminoácidos o posiciones de nucleótidos correspondientes se comparan entonces. Si una posición en una secuencia se ocupa por el mismo resto de aminoácido o el mismo nucleótido que la posición correspondiente en la otra secuencia, entonces las moléculas son homólogas en esta posición (es decir, “homología” de aminoácido o de ácido nucleico, tal como se usa en el presente documento, corresponde a una “identidad” de aminoácido o ácido nucleico). La homología porcentual entre las dos secuencias es una función del número de posiciones idénticas que son comunes a las secuencias (es decir % de homología = número de las posiciones idénticas / número total de las posiciones x 100). De esta manera, los términos homología e identidad han de considerarse como sinónimos. Los programas o algoritmos usados se han descrito anteriormente.

Una molécula de ácido nucleico aislada, que codifica una Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-elongasa y/o Δ6-elongasa, que es homologa a una secuencia de proteína de la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 o SEQ ID NO: 184, puede generarse mediante introducción de una o varias sustituciones, adiciones o deleciones de nucleótidos en una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183, de modo que se introducen una o varias sustituciones, adiciones o deleciones de aminoácidos en la proteína codificada. Las mutaciones pueden introducirse en una de las secuencias de la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87,

SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 mediante técnicas convencionales, tales como mutagénesis especifica de sitio y mutagénesis mediada por PCR. Preferentemente se preparan sustituciones de aminoácidos conservadoras en uno o varios de los restos de aminoácidos no esenciales pronosticados. En una “sustitución conservadora de aminoácido” el resto de aminoácido se intercambia por un residuo de aminoácido con una cadena lateral similar. En el campo especializado se han definido familias de ésteres de aminoácido con cadenas laterales similares. Estas familias comprenden aminoácidos con cadenas laterales básicas (por ejemplo, lisina, arginina, histidina), cadenas laterales ácidas (por ejemplo, ácido aspártico, ácido glutámico), cadenas laterales polares no cargadas (por ejemplo, glicina, asparagina, glutamina, serina, treonina, tirosina, cisteína), cadenas laterales no polares (por ejemplo alanina, valina, leucina, isoleucina, prolina, fenilalanina, metionina, triptófano), cadenas laterales beta-ramificadas (por ejemplo, treonina, valina, isoleucina) y cadenas laterales aromáticas (por ejemplo, tirosina, fenilalanina, triptófano, histidina). Un resto de aminoácido no esencial pronosticado en una Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ6-elongasa se intercambia por consiguiente preferentemente por otro resto de aminoácido de la misma familia de cadenas laterales. Como alternativa pueden introducirse en otra forma de realización las mutaciones de manera aleatoria por toda, o una parte de la secuencia que codifica Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ6-elongasa, por ejemplo mediante mutagénesis de saturación, y los mutantes resultantes pueden tamizarse según la actividad Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ6-elongasa descrita en el presente documento, para identificar mutantes que han mantenido la actividad Δ12-desaturasa, ω3-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ4-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ6-elongasa. Tras la mutagénesis de una de las secuencias SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 puede expresarse de manera recombinante la proteína codificada, y puede determinarse la actividad de la proteína por ejemplo usando el ensayo descrito en el presente documento.

Otros objetos de la invención son organismos no humanos transgénicos que contienen los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 o una construcción génica o un vector que contienen estas secuencias de ácido nucleico de acuerdo con la invención. Ventajosamente, en el caso del organismo no humano se trata de un microorganismo, un animal no humano o una planta, de manera especialmente preferente de una planta.

Esta invención se ilustra adicionalmente mediante los siguientes ejemplos, que no deben considerarse como limitativos.

Ejemplos

Los ejemplos de acuerdo con la invención comprenden todos los ejemplos que están orientados a una secuencia de ácido nucleico con

- la SEQ ID NO: 45 o
- una secuencia de ácido nucleico, que puede derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 46 o
- derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 45, que codifica polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 46 y presenta una actividad Δ6-elongasa.

Ejemplo 1: procedimientos de clonación generales:

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

Ejemplo 2: análisis de secuencias de ADN recombinante:

La secuenciación de moléculas de ADN recombinante se realizó con un secuenciador de ADN con fluorescencia láser de la empresa ABI según el procedimiento de Sanger (Sanger y col. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA74, 5463-5467). Los fragmentos que resultan de una reacción en cadena de la polimerasa se secuenciaron y se comprobaron para evitar fallos de la polimerasa en construcciones que van a expresarse.

Ejemplo 3: Clonación de genes de *Oncorhynchus mykiss*

Mediante la búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas que corresponden a los genes de elongasa expuestos en la solicitud se identificaron dos secuencias con correspondientes motivos en el banco de datos de secuencias de Genbank.

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

El ARN total de *Oncoryhnchus mykiss* se aisló con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Qiagen (Valencia, CA, EE.UU.). De todo el ARN se aisló con ayuda de oligo-dT-celulosa ARN poli-A+ (ARNm) (Sambrook y col., 1989). El ARN se transcribió de manera inversa con el kit Reverse Transcription System de Promega y el ADNc sintetizado se clonó en el vector lambda ZAP (lambda ZAP Gold, Stratagene). De manera correspondiente a las indicaciones del fabricante se desempaquetó el ADNc para dar el ADN de plásmido. El banco de ADNc-plásmido se usó entonces para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión.

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

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

cebador	secuencia de nucleótidos
5' f* OmELO2	5' aagcttacataatggcttcaacatggcaa (SEQ ID NO: 179)
3' r* OmELO2	5' ggatccttatgtcttcttgctcttcctgtt (SEQ ID NO: 180)
5' f OmELO3	5' aagcttacataatggagacttttaat (SEQ ID NO: 181)
3' r OmELO3	5' ggatccttcagtccccctcactttcc (SEQ ID NO: 182)*

f: *forward*, directo, r: *reverse*, inverso

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

El producto de PCR se incubó durante 2 h a 37 ºC con las enzimas de restricción HindIII y BamHI. El vector de expresión de levadura pYES3 (Invitrogen) se incubó de la misma manera. A continuación se separó el producto de PCR de 812 pb o 905 pb de tamaño así como el vector mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y el ADNc de elongasa. Para ello

se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pYES3-OmELO2 y pYES3-OmELO3 se verificaron mediante secuenciación y se transformaron en la cepa *Saccharomyces* INVSc1 (Invitrogen) mediante electroporación (1500 V). Para el control se transformó pYES3 de manera paralela. A continuación se colocaron en placa las levaduras en medio mínimo completo sin triptófano con 2 % de glucosa. Las células que podían crecer en medio sin triptófano contienen con ello los correspondientes plásmidos pYES3, pYES3-OmELO2 (SEQ ID NO: 51) y pYES3-OmELO3 (SEQ ID NO: 53). Tras la selección se seleccionaron en cada caso dos transformantes para la expresión funcional posterior.

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

Para la transformación de plantas se generó otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertó con el siguiente par de cebadores los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de la secuencia codificante:

PSUN-OmELO2
directo: 5'-GCGGCCGCataatggcttcaacatggcaa (SEQ ID NO: 175)
inverso: 3'-GCGGCCGCttatgtcttcttgctcttcctgtt (SEQ ID NO: 176)
pSUN-OmELO3
directo: 5'-GCGGCCGCataatggagacttttaat (SEQ ID NO: 177)
inverso: 3'-GCGGCCGCtcagtccccctcactttcc (SEQ ID NO: 178)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incubó de la misma manera. A continuación se separaron los productos de PCR así como el vector de 7624 pb de tamaño mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pSUN-OmELO2 y pSUN-OmELO3 se verificaron mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3', SEQ ID NO: 174).

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

Ejemplo 6: extracción de lípidos de levaduras y semillas:

La repercusión de la modificación genética en plantas, hongos, algas, ciliados o sobre la producción de un compuesto deseado (tal como un ácido graso) puede determinarse, cultivándose los microorganismos modificados o la planta modificada en condiciones adecuadas (tal como se ha descrito anteriormente) y sometiéndose a estudio el medio y/o los componentes celulares para determinar la elevada producción del producto deseado (es decir de lípidos o de un ácido graso). Estas técnicas de análisis se conocen por el experto y comprenden espectroscopía, cromatografía de capa fina, procedimientos de coloración de distinto tipo, procedimientos enzimáticos y microbiológicos así como cromatografía analítica, tal como cromatografía de líquidos de alto rendimiento (véase por ejemplo Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, volumen A2, pág. 89-90 y pág. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., y col., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" en: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, volumen 17; Rehm y col. (1993) Biotechnology, volumen 3, capítulo III: "Product recovery and purification", pág. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., y col. (1988) Bioseparations: downstream processing for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., y Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, en: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, volumen B3; capítulo 11, pág. 1-27, VCH: Weinheim; y Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

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

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

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

La detección univoca de la presencia de productos de ácidos grasos puede obtenerse por medio de análisis de organismos recombinantes según procedimientos de análisis convencionales: CG, CG-EM o CCF, tal como se ha descrito en varias ocasiones por Christie y las referencias bibliográficas en el mismo (1997, en: Advances on Lipid Methodology, cuarta edición: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33:343-353).

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

El material vegetal se homogeneiza en primer lugar mecánicamente mediante morteros para hacerlo más accesible a una extracción.

Entonces se calienta durante 10 min hasta 100 ºC y tras el enfriamiento en hielo se sedimenta de nuevo. El sedimento celular se hidroliza con ácido sulfúrico metanólico 1 M y el 2 % de dimetoxipropano durante 1 h a 90 ºC y los lípidos se transmetilan. Los ésteres de ácido graso resultantes (FAME) se extraen en éter de petróleo. Los FAME extraídos se analizan mediante cromatografía de gas-líquido con una columna capilar (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 m, 0,32 mm) y un gradiente de temperatura de 170 ºC a 240 ºC en 20 min y 5 min a 240 ºC. La identidad de los ésteres metílicos de ácido graso se confirma mediante comparación con correspondientes patrones de FAME (Sigma). La identidad y la posición del doble enlace puede analizarse posteriormente mediante derivatización química adecuada de las mezclas de FAME, por ejemplo, para dar derivados de 4,4-dimetoxi-

oxazolina (Christie, 1998) por medio de CG-EM.

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 4 con los plásmidos pYES3, pYES3-OmELO2 y pYES3-OmELO3 se analizaron de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 10 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: La temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

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

Ejemplo 7: Caracterización funcional de OmELO2 y OmELO3

OmELO2 no muestra actividad elongasa, mientras que para OmELO3 pudo detectarse una clara actividad con distintos sustratos. La especificidad de sustrato de OmElo3 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (figura 2). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Todas las levaduras transgénicas muestran la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OmElo3. Esto significa que el gen OmElo3 pudo expresarse funcionalmente.

La figura 2 muestra que el OmElo3 presenta una especificidad de sustrato que con alta especificidad conduce al alargamiento de ácidos grasos $\Delta 5$ y $\Delta 6$ con un doble enlace $\omega 3$. Pudo elongarse en más baja especificidad además también ácidos grasos $\omega 6$ (C_{18} y C_{20}). El ácido estearidónico ($C_{18:4}$ $\omega 3$) y ácido eicosapentaenoico ($C_{20:5}$ $\omega 3$) representan los mejores sustratos para el OmElo3 (hasta el 66 % de elongación).

Ejemplo 8: Reconstitución de la síntesis de DHA en levadura

La reconstitución de la biosíntesis de DHA ($C_{22:6}$ $\omega 3$) se realizó partiendo de EPA ($C_{20:5}$ $\omega 3$) o ácido estearidónico ($C_{18:4}$ $\omega 3$) mediante la coexpresión de OmElo3 con la $\Delta 4$-desaturasa de *Euglena gracilis* o la $\Delta 5$-desaturasa de *Phaeodactylum tricornutum* y la $\Delta 4$-desaturasa de *Euglena gracilis*. Para esto se construyeron además los vectores de expresión pYes2-EgD4 y pESCLeu-PtD5. La cepa de levadura anteriormente mencionada, que ya se ha transformado con el pYes3-OmElo3 (SEQ ID NO: 55), se transformó posteriormente con el pYes2-EgD4 o al mismo tiempo con pYes2-EgD4 y pESCLeu-PtD5. La selección de las levaduras transformadas se realizó en placas de agar con medio mínimo completo con un 2 % de glucosa, sin embargo sin triptófano y uracilo en el caso de la cepa pYes3-OmELO/pYes2-EgD4 y sin triptófano, uracilo y leucina en el caso de la cepa pYes3-OmELO/pYes2-EgD4+pESCLeu-PtD5. La expresión se indujo tal como se ha indicado anteriormente mediante la adición del 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante otras 120 h a 15 ºC.

La figura 3 muestra los perfiles de ácidos grasos de levaduras transgénicas que se alimentaron con $C_{20:5}$ $\omega 3$. En la levadura control (A), que se transformó con el vector pYes3-OmElo3 y el vector vacío pYes2, se alargó $C_{20:5}$ $\omega 3$ de manera muy eficaz para dar $C_{22:5}$ $\omega 3$ (65 % de elongación). La introducción adicional de la Eg$\Delta 4$-desaturasa condujo a la conversión de $C_{22:5}$ $\omega 3$ en $C_{22:6}$ $\omega 3$ (DHA). La composición de ácidos grasos de las levaduras transgénicas está reproducida en la figura 5. Tras la co-expresión de OmElo3 y EgD4 pudo detectarse hasta un 3 % de DHA en levaduras.

En otro experimento de co-expresión se expresaron juntos OmElo3, EgD4 y una $\Delta 5$-desaturasa de *P. tricornutum* (PtD5). Las levaduras transgénicas se alimentaron con ácido estearidónico ($C_{18:4}$ $\omega 3$) y se analizaron (figura 4). La composición de ácidos grasos de estas levaduras está expuesta en la figura 5. Mediante OmElo3 se elongó el ácido graso alimentado $C_{18:4}$ $\omega 3$ para dar $C_{20:4}$ $\omega 3$ (60 % de elongación). Este último se desaturó mediante la PtD5 para dar $C_{20:5}$ $\omega 3$. La actividad de la PtD5 ascendía al 15 %. $C_{20:5}$ $\omega 3$ pudo elongarse además mediante el OmElo3 para dar $C_{22:5}$ $\omega 3$. A continuación se desaturó el $C_{22:5}$ $\omega 3$ nuevamente sintetizado para dar $C_{22:6}$ $\omega 3$ (DHA). En estos experimentos pudo conseguirse hasta el 0,7 % de DHA.

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

Ejemplo 9: Generación de plantas transgénicas

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

Para la generación de plantas de colza transgénicas pueden usarse vectores binarios en *Agrobacterium tumefaciens* C58C1:pGV2260 o *Escherichia coli* (Deblaere y col, 1984, Nucl. Acids. Res. 13, 4777-4788). Para la transformación de plantas de colza (Var. Drakkar, NPZ Nordeutsche Pflanzenzucht, Hohenlieth, Alemania), se usa una dilución 1:50 de un cultivo durante una noche de una colonia de agrobacterias transformadas positivamente en medio Murashige-Skoog (Murashige und Skoog 1962 Physiol. Plant. 15, 473) con un 3 % de sacarosa (medio 3MS). Los peciolos o hipocotiledones de plantas de colza estériles recién germinadas (aproximadamente 1 cm^2 cada uno) se incuban en una placa de Petri con una dilución de agrobacterias 1:50 durante 5-10 minutos. Esto se sigue por co-incubación de 3 días en la oscuridad a 25 ºC en medio 3MS con un 0,8 % de Bacto-Agar. Después de tres días, se continúa el cultivo con 16 horas de luz/8 horas de oscuridad y en un ciclo semanal de medio MS con 500 mg/l de Claforán (cefotaxima de sodio), 50 mg/l de kanamicina, 20 microM de bencilaminopurina (BAP) y 1,6 g/l de glucosa. Se transfieren brotes de crecimiento en medio MS con un 2 % de sacarosa, 250 mg/l de Claforán y un 0,8 % de Bacto-Agar. Si después de tres semanas no se han formado raíces se añadió ácido 2-indolbutírico al medio como hormona del crecimiento para fines de enraizado.

Los brotes regenerados se obtienen en medio 2MS usando kanamicina y Claforán, se transfieren en suelo después de enraizar y se ponen después de crecimiento en cultivo durante dos semanas en una cámara de clima controlado o un invernadero, se llevan a floración y se recogen las semillas maduras y se someten a estudio para determinar la expresión de elongasa tal como actividad Δ5-elongasa o Δ6-elongasa o actividad ω3-desaturasa por medio de análisis de lípidos. Pueden identificarse así líneas con contenidos elevados de ácidos grasos poliinsaturados C_{20} y C_{22}.

b) Preparación de plantas de lino transgénicas

La preparación de plantas de lino transgénicas pudo generarse por ejemplo según el procedimiento de Bell y col., 1999, In Vitro Cell. Dev. Biol.-Plant. 35(6):456-465 por medio de bombardeo de partículas. Por regla general se usó una transformación mediada por agrobacterias por ejemplo según Mlynarova y col. (1994), Plant Cell Report 13: 282-285 para la transformación de lino.

Ejemplo 10: Clonación de genes de Δ5-elongasa de *Thraustochytrium aureum* ATCC34304 y *Thraustochytrium* ssp.

Mediante comparación de las distintas secuencias de proteína elongasa encontradas en esta solicitud pudieron definirse regiones de ácido nucleico conservadas (caja de histidina: His-Val-X-His-His, caja de tirosina: Met-Tyr-X-Tyr-Tyr). Con ayuda de estas secuencias se buscó en un banco de datos EST de *T. aureum* ATCC34304 y *Thraustochytrium* ssp. las otras Δ5-elongasas. Pudieron encontrarse las siguientes secuencias nuevas:

Nombre del gen	Nucleótidos	Aminoácidos
BioTaurEL01	828 pb	275
TL16y2	831	276

El ARN total de *T. aureum* ATCC34304 y *Thraustochytrium* ssp. se aisló con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Qiagen (Valencia, CA, EE.UU.). De todo el ARN se aisló ARNm con ayuda del sistema de aislamiento PolyATract (Promega). El ARNm se transcribió de manera inversa con el kit de amplificación de ADNc Marathon (BD Biosciences) y se ligó de manera correspondiente a las indicaciones del fabricante a adaptores. Se usó entonces el banco de ADNc para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión por medio de 5'- y 3'-RACE (rapid amplification of cDNA ends).

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

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

cebador	secuencia de nucleótidos
5’ f* BioTaurELO1	5’ gacataatgacgagcaacatgag (SEQ ID NO: 170)
3’ r* BioTaurELO1	5’ cggcttaggccgacttggccttggg (SEQ ID NO: 171)
5’f*TL16y2	5’ agacataatggacgtcgtcgagcagcaatg (SEQ ID NO: 172)
3’r*TL16y2	5’ ttagatggtcttctgcttcttgggcgcc (SEQ ID NO: 173)
* f: directo, r: inverso	

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR BioTaurELO1 (véase la SEQ ID NO: 65) y TL16y2 (véase la SEQ ID NO: 83) se incubaron durante 30 min a 21 ºC con el vector de expresión de levadura pYES2.1-TOPO (Invitrogen) de acuerdo con las indicaciones del fabricante. El producto de PCR se liga a este respecto mediante una proyección de T y actividad de una topoisomerasa (Invitrogen) en el vector. Tras la incubación se realizó entonces la transformación de células DH5α de *E. coli*. Los correspondientes clones se identificaron mediante PCR, se aisló el ADN de plásmido por medio del kit DNAeasy de Qiagen y se verificó mediante secuenciación. La secuencia correcta se transformó entonces en la cepa de *Saccharomyces* INVSc1 (Invitrogen) mediante electroporación (1500 V). Para el control se transformó el vector vacío pYES2.1 de manera paralela. A continuación se colocaron en placa las levaduras en medio mínimo completo sin uracilo con un 2 % de glucosa. Las células que pudieron crecer sin uracilo en el medio contienen con ello los correspondientes plásmidos pYES2.1, pYES2.1-BioTaurELO1 y pYES2.1-TL16y2. Tras la selección se seleccionaron en cada caso dos transformantes para la expresión funcional posterior.

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

Para la transformación de plantas se generó otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertaron con el siguiente par de cebadores los sitios de corte NotI en el extremo 5’ y 3’ de la secuencia codificante:

PSUN-BioTaurELO1
directo: 5’-GCGGCCGCataatgacgagcaacatgagc (SEQ ID NO: 166)
inverso: 3’-GCGGCCGCttaggccgacttggccttggg (SEQ ID NO: 167)
PSUN-TL16y2
directo: 5’-GCGGCCGCACCatggacgtcgtcgagcagcaatg (SEQ ID NO: 168)
inverso: 5’-GCGGCCGCttagatggtcttctgcttcttgggcgcc (SEQ ID NO: 169)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incubó de la misma manera. A continuación se separaron los productos de PCR así como el vector de 7624 pb de tamaño mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pSUN-BioTaurELO1 y pSUN-TL16y2 se verificaron mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3', SEQ ID NO: 165).

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

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de manera idéntica al ejemplo 6.

Ejemplo 13: Caracterización funcional de BioTaurELO1 y TL16y2

La especificidad de sustrato de BioTaurELO1 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (figura 6). La figura 6 muestra los experimentos de alimentación para la determinación de la funcionalidad y especificidad de sustrato con cepas de levadura, que contienen o bien el vector pYes2.1 (control) o el vector pYes2.1-BioTaurELO1 (=BioTaur) con la Δ5-elongasa. En ambas mezclas de reacción se añadió ácido γ-linolénico 200 uM y ácido eicosapentaenoico al medio de incubación de levadura y se incubó durante 24 h. Tras la extracción de los ácidos grasos de las levaduras se transmetilaron éstos y se separaron mediante cromatografía de gases. Los productos de elongación producidos a partir de los dos ácidos grasos alimentados están marcados por flechas.

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

La figura 6 muestra que el BioTaurELO1 presenta una especificidad de sustrato, que con alta especificidad conduce al alargamiento de ácidos grasos Δ5 y Δ6 con un doble enlace ω3. Además pudieron elongarse también ácidos grasos ω6 (C_{18} y C_{20}). Se convierten ácido γ-linolénico ($C_{18:3}$ ω6) con un 65,28 %, ácido estearidónico ($C_{18:4}$ ω3) con un 65,66 % y ácido eicosapentaenoico ($C_{20:5}$ ω3) con un 22,01 % de conversión. Las especificidades de sustrato de los distintos experimentos de alimentación están representadas en la tabla 3 (véase el final de la descripción).

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

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

Tabla 4: Expresión de TL16y2 en levadura.

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

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

TL16y2 muestra con ello actividad Δ5-, Δ6- y Δ8-elongasa. A este respecto, la actividad para ácidos grasos C_{18} con dobles enlaces en Δ6 es la máxima. Dependiendo de la concentración de ácidos grasos alimentados se alargan entonces ácidos grasos C_{20} con un doble enlace en Δ5 o Δ8.

Ejemplo 14: Clonación de genes de *Ostreococcus tauri*

Mediante la búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes de elongasa expuestos en la solicitud con actividad Δ5-elongasa o actividad Δ6-elongasa pudieron identificarse dos secuencias con correspondientes motivos en un banco de datos de secuencias de *Ostreococcus tauri* (secuencias genómicas).

A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
OtELO1, (Δ5-elongasa)	SEQ ID NO: 67	300
OtELO2, (Δ6-elongasa)	SEQ ID NO: 69	292

OtElo1 presenta la similitud más alta a una elongasa de *Danio rerio* (GenBank AAN77156; aproximadamente el 26 % de identidad), mientras que OtElo2 presenta la máxima similitud a Elo de *Physcomitrella* (PSE) [aproximadamente el 36 % de identidad]. Se realizaron alineamientos con el algoritmo tBLASTn-A (Altschul y col., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 - 410).

La clonación se realizó tal como sigue:

Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Ostreococcus tauri* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 µl de agua bidestilada y se almacenaron a -20 ºC. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los correspondientes ADN genómicos. Los correspondientes pares de cebadores se seleccionaron de modo que éstos llevaban la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) junto al codón de inicio. La amplificación de los ADN de OtElo se realizó en cada caso con 1 µl de células descongeladas, dNTPs 200 µM, 2,5 U de Taq-polimerasa y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una

última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

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

Para la caracterización de la función de las elongasas de *Ostreococcus tauri* se clonaron los marcos de lectura abiertos de los respectivos ADN en el sentido de 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa por pYES2.1N5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose pOTE1 y pOTE2.

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

Para la expresión de las elongasas de Ot se inocularon en primer lugar cultivos previos de en cada caso 5 ml de medio líquido CMdum con un 2 % (p/v) de rafinosa sin embargo sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron durante 2 días a 30 ºC, 200 rpm. Se inocularon entonces 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con un 2 % de rafinosa y 300 μM de distintos ácidos grasos con los cultivos previos hasta obtener un DO_{600} de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición del 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante otras 96 h a 20 ºC.

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

Para la transformación de plantas se generó otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertaron por medio de PCR los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las correspondientes secuencias de cebador se derivaron de la región 5' y 3' de OtElo1 y OtElo2.

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 μl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incubó de la misma manera. A continuación se separaron los productos de PCR así como el vector mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pSUN-OtELO1 y pSUN-OtELO2 se verificaron mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3', SEQ ID NO: 164).

El fragmento de PCR se cortó posteriormente con EcoRI/SalI y se usó en el vector pSUN300 con terminador OCS.

Se produjo el plásmido con la designación pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

Ejemplo 17: Expresión de OtELO1 y OtELO2 en levaduras

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 15 con los plásmidos pYES3, pYES3-OtELO1 y pYES3-OtELO2, se analizaron de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

Ejemplo 18: Caracterización funcional de OtELO1 y OtELO2:

La especificidad de sustrato de OtElo1 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (tabla 5). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtElo1. Esto significa que el gen OtElo1 pudo expresarse funcionalmente.

La tabla 4 muestra que el OtElo1 presenta una estrecha especificidad de sustrato. El OtElo1 pudo elongar solo los ácidos grasos C_{20} ácido eicosapentaenoico (figura 7) y ácido araquidónico (figura 8), preferentemente sin embargo el ácido eicosapentaenoico desaturado en ω3.

Tabla 5:

Sustrato de ácido graso	Conversión (en %)
16:0	-
$16:1^{\Delta 9}$	-
18:0	-
$18:1^{\Delta 9}$	-
$18:1^{\Delta 11}$	-
$18:2^{\Delta 9,12}$	-
$18:3^{\Delta 6,9,12}$	-
$18:3^{\Delta 5,9,12}$	-
$20:3^{\Delta 8,11,14}$	-
$20:4^{\Delta 5,8,11,14}$	**10,8 ± 0,6**
$20:5^{\Delta 5,8,11,14,17}$	**46,8 ± 3,6**
$22:4^{\Delta 7,10,13,16}$	-
$22:6^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$	-

La tabla 5 muestra la especificidad de sustrato de la elongasa OtElo1 para ácidos grasos poliinsaturados C_{20} con un

doble enlace en la posición Δ5 frente a distintos ácidos grasos.

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

La especificidad de sustrato de OtElo2 (SEQ ID NO: 81) pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (tabla 6). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtElo2. Esto significa que el gen OtElo2 pudo expresarse funcionalmente.

Tabla 6:

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

La tabla 6 muestra la especificidad de sustrato de la elongasa OtElo2 frente a distintos ácidos grasos.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pOTE2 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos indicados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME por medio de CGL. Cada valor reproduce el valor medio (n=3) ± desviación estándar.

La actividad enzimática que se reproduce en la tabla 6, muestra claramente que OTELO2 es una Δ6-elongasa.

Ejemplo 19: Clonación de genes de *Thalassiosira pseudonana*

Mediante la búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes de elongasa expuestos en la solicitud con actividad Δ5-elongasa o actividad Δ6-elongasa pudieron identificarse dos secuencias con correspondientes motivos en un banco de datos de secuencias de *Thalassiosira pseudonana* (secuencias genómicas). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
TpELO1 (Δ5-elongasa)	43	358
TpELO2 (Δ5-elongasa)	59	358
TpELO3 (Δ6-elongasa)	45	272

Un cultivo de 2 l de *T. pseudonana* se puso en medio f/2 (Guillard, R.R.L. 1975. Culture of phytoplankton for feeding marine invertebrates. In Culture of Marine Invertebrate Animals (Eds. Smith, W.L. and Chanley, M.H.), Plenum Press, New York, pág. 29-60.) durante 14 d (= días) con una intensidad de luz de 80 E/cm^2. Tras la centrifugación de las células se aisló ARN con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Quiagen (Valencia, CA, EE.UU.) según las indicaciones del fabricante. El ARNm se transcribió de manera inversa con el kit de amplificación de ADNc Marathon (BD Biosciences) y se ligaron adaptadores de manera correspondiente a las indicaciones del fabricante. El banco de ADNc se usó entonces para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión por medio 5'- y 3'-RACE (*rapid amplification of cDNA ends*).

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

Los correspondientes pares de cebadores se seleccionaron de modo que éstos llevaban la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) junto al codón de inicio. La amplificación de los ADN de TpElo se realizó en cada caso con 1 μl de ADNc, dNTPs 200 μM, 2,5 U de polimerasa Advantage y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 μl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

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

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

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

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

Para la transformación de plantas se genera otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertan con el siguiente par de cebadores los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de la secuencia codificante:

PSUN-TPELO1

directo: 5'-GCGGCCGCaccatgtgctcaccaccgccgtc (SEQ ID NO: 152)
inverso: 3'-GCGGCCGCctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 153)

PSUN-TPELO2

directo: 5'-GCGGCCGCaccatgtgctcatcaccgccgtc (SEQ ID NO: 154)
inverso: 3'-GCGGCCGCctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 155)

PSUN-TPELO3

directo: 5'-GCGGCCGCaccatggacgcctacaacgctgc (SEQ ID NO: 156)
inverso: 3'-GCGGCCGCctaagcactcttcttcttt (SEQ ID NO: 157)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incuba de la misma manera. A continuación se separan los productos de PCR así como el vector de 7624 pb de tamaño mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortan los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realiza por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para ello se usa el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pSUN-TPELO1, pSUN-TPELO2 y pSUN-TPELO3 se verifican mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3'; SEQ ID NO: 151).

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

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de manera idéntica al ejemplo 6.

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

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 4 con los plásmidos pYES2, pYES2-TpELO1, pYES2-TpELO2 y pYES2-TpELO3, se analizaron de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se

incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

Ejemplo 23: Caracterización funcional de TpELO1 y TpELO3

La especificidad de sustrato de TpElo1 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (figura 9). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de TpElo1. Esto significa que el gen TpElo1 pudo expresarse funcionalmente.

La tabla 7 muestra que el TpElo1 presenta una estrecha especificidad de sustrato. El TpElo1 pudo elongar solo los ácidos grasos C_{20} ácido eicosapentaenoico y ácido araquidónico, preferentemente sin embargo el ácido eicosapentaenoico desaturado en ω3.

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

Tabla 7: Expresión de TpELO1 en levadura. En las columnas 1 y 3 están reproducidas las reacciones control para las columnas 2 (alimentado 250 µM de $C_{20:4}$ Δ5,8,11,14) y 4 (alimentado 250 µM de $C_{20:5}$ Δ5,8,11,14,17).

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

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

La tabla 8 muestra que el TpElo3 presenta una estrecha especificidad de sustrato. El TpElo3 pudo elongar únicamente los ácidos grasos d18 ácido γ-linolénico y ácido estearidónico, preferentemente sin embargo el ácido estearidónico desaturado en ω3.

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

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

Ácido grasos	1	2	3	4	5	6
16:0	17,9	20,6	17,8	16,7	18,8	18,8
$16:1^{\Delta 9}$	41,7	18,7	27,0	33,2	24,0	31,3
18:0	7,0	7,7	6,4	6,6	5,2	6,0
$18:1^{\Delta 9}$	33,3	16,8	24,2	31,8	25,5	26,4
$18:2^{\Delta 9,12}$	-	**36,1**	-	-	-	-
$18:3^{\Delta 6,9,12}$	-	-	**6,1**	-	-	
$18:4^{\Delta 6,9,12,16}$	-	-	-	1,7	-	
$20:2^{\Delta 11,14}$	-	**0**	-	-	-	
$20:3^{\Delta 8,11,14}$	-	-	**18,5**	-	-	
$20:4^{\Delta 8,11,14,17}$	-	-	-	**10,0**	-	
$20:4^{\Delta 5,8,11,14}$	-	-	-	-	**22,5**	
$22:4^{\Delta 7,10,13,16}$	-	-	-	-	0	
$20:5^{\Delta 5,8,11,14,17}$	-	-	-	-	-	**17,4**
$22:5^{\Delta 7,10,13,16,19}$	-	-	-	-	-	**0**
% de conversión	**0**	**0**	**75**	**85**	**0**	**0**

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

El clon Pi-omega3Des se clonó para la expresión heteróloga en levaduras por medio de PCR con correspondientes cebadores específicos de Pi-omega3Des en el vector de expresión de levadura pYES3. A este respecto se amplificó exclusivamente el marco de lectura abierto del gen que codifica la proteína Pi-omega3Des y se dotó de dos sitios de corte para la clonación en el vector de expresión pYES3:

cebador directo: 5'-TAAGCTTACATGGCGACGAAGGAGG (SEQ ID NO: 149)
cebador inverso: 5'-TGGATCCACTTACGTGGACTTGGT (SEQ ID NO: 150)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 μl):

5,00 μl de molde de ADNc
5,00 μl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + $MgCl_2$ 25 mM
5,00 μl de dNTP 2 mM
1,25 μl en cada caso de cebador (10 pmol/μl del cebador 5'-ATG así como del cebador de terminación en 3')
0,50 μl de polimerasa Advantage

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

El producto de PCR se incubó durante 2 h a 37 ºC con las enzimas de restricción HindIII y BamHI. El vector de expresión de levadura pYES3 (Invitrogen) se incubó de la misma manera. A continuación se separó el producto de PCR de 1104 pb de tamaño así como el vector mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel purification de Qiagen

de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y el ADNc de desaturasa. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. El plásmido producido pYES3-Pi-omega3Des se comprobó mediante secuenciación y se transformó en la cepa de *Saccharomyces* INVSc1 (Invitrogen) mediante electroporación (1500 V). Para el control se transformó pYES3 de manera paralela. A continuación se colocaron en placa las levaduras en medio mínimo completo sin triptófano con un 2 % de glucosa. Las células que pudieron crecer sin triptófano en el medio contienen con ello los correspondientes plásmidos pYES3, pYES3-Pi-omega3Des. Tras la selección se seleccionaron en cada caso dos transformantes para la expresión funcional posterior.

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

Para la transformación de plantas se generó otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertó con el siguiente par de cebadores los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de la secuencia codificante: PSUN-Pi-omega3Des

inverso: 3'-GCGGCCGCTTACGTGGACTTGGTC (SEQ ID NO: 147)
directo: 5'-GCGGCCGCatGGCGACGAAGGAGG (SEQ ID NO: 148)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 4 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incubó de la misma manera. A continuación se separaron los productos de PCR así como el vector de 7624 pb de tamaño mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. El plásmido producido pSUN-Piomega3Des se verificó mediante secuenciación.

Ejemplo 26: Expresión de Pi-omega3Des en levaduras

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 24 con el plásmido pYES3 o pYES3- Pi-omega3Des se analizaron de la siguiente manera: las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácido grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 ml de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

Ejemplo 27: Caracterización funcional de Pi-omega3Des

La especificidad de sustrato de Pi-omega3Des pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (figura 12 a 18). Los sustratos alimentados se encuentran en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas, de manera que se ha demostrado la absorción de estos ácidos grasos en las levaduras. Las levaduras transgénicas muestran la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de Pi-

omega3Des. Esto significa que el gen Pi-omega3Des pudo expresarse funcionalmente.

La figura 12 reproduce la desaturación de ácido linoleico (ácido graso $C_{18:2}$ ω6) para dar ácido α-linolénico (ácido graso $C_{18:3}$ ω3) mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas, que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (figura 12 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (figura 12 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$ (300 μM). A continuación se analizaron los FAMEs por medio de CGL.

En la figura 13 está reproducida la desaturación del ácido γ-linolénico (ácido graso $C_{18:3}$ ω6) para dar ácido estearidónico (ácido graso $C_{18:4}$ ω3) mediante Pi-omega3Des.

La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas, que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (figura 13 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (figura 13 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso γ-$C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$ (300 μM). A continuación se analizaron los FAMEs por medio de CGL.

La figura 14 reproduce la desaturación de ácido graso $C_{20:2}$ ω6 para dar ácido graso $C_{20:3}$ ω3 mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas, que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (figura 14 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (figura 14 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso $C_{20:2}^{\Delta 11,14}$ (300 μM). A continuación se analizaron los FAMEs por medio de CGL.

La figura 15 reproduce la desaturación de ácido graso $C_{20:3}$ ω6 para dar ácido graso $C_{20:4}$ ω3 mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas, que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (figura 15 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (figura 15 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$ (300 μM). A continuación se analizaron los FAMEs por medio de CGL.

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

La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas, que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (figura 16 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (figura 16 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso $C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$ (300 μM). A continuación se analizaron los FAMEs por medio de CGL.

La figura 17 reproduce la desaturación de ácido docosatetraenoico (ácido graso $C_{22:4}$ ω6) para dar ácido docosapentaenoico (ácido graso $C_{22:5}$ ω3) mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas, que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (figura 17 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (figura 17 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso $C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$ (300 μM). A continuación se analizaron los FAME por medio de CGL.

La especificidad de sustrato de Pi-omega3Des frente a distintos ácidos grasos puede deducirse de la figura 18. Las levaduras que se habían transformado con el vector pYes3-Pi-omega3Des, se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos indicados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME por medio de CGL. Cada valor reproduce un valor medio de tres mediciones. Las tasas de conversión (% de desaturación) se calcularon con la fórmula: [producto]/[producto]+[sustrato]*100.

Tal como se describe en el ejemplo 9 puede usarse también el Pi-omega3Des para la generación de plantas transgénicas. A partir de las semillas de estas plantas puede realizarse entonces la extracción de lípidos, tal como se ha descrito en el ejemplo 6.

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

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

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos	Homología
OtD4	SEQ ID NO: 95	536	Δ4-desaturasa
OtD5.1	SEQ ID NO: 91	201	Δ5-desaturasa

(continuación)

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos	Homología
OtD5.2	SEQ ID NO: 93	237	Δ5-desaturasa
OtD6.1	SEQ ID NO: 89	456	Δ6-desaturasa
OtFad2	SEQ ID NO: 107	361	Δ12-desaturasa

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

La clonación se realizó tal como sigue:

Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Ostreococcus tauri* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 µl de agua bidestilada y se almacenaron a -20 ºC. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los correspondientes ADN genómicos. Los correspondientes pares de cebadores se seleccionaron de modo que éstos llevaban la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) junto al codón de inicio. La amplificación de los ADN de OtDes se realizó en cada caso con 1 µl de células descongeladas, dNTPs 200 µM, 2,5 U de Taq-polimerasa y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

Se usaron los siguientes cebadores durante la PCR:

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

OtDes6.1 inverso: 5'ctcgagttacgccgtctttccggagtgttggcc3' (SEQ ID NO: 146)

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

Para la caracterización de la función de la desaturasa OtDes6.1 (=Δ6-desaturasa) de *Ostreococcus tauri* se clonó el marco de lectura abierto del ADN en el sentido de 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa por pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose el correspondiente clon pYES2.1-OtDes6.1. De manera correspondiente pueden clonarse otros genes de desaturasa de *Ostreococcus*.

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

Para la expresión de la desaturasa OtDes6.1 se inocularon en primer lugar cultivos previos de en cada caso 5 ml de medio líquido CMdum con un 2 % (p/v) de rafinosa sin embargo sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron durante 2 días a 30 ºC, 200 rpm. Se inocularon entonces 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con un 2 % de rafinosa y 300 µM de distintos ácidos grasos con los cultivos previos hasta obtener un DO_{600} de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición de un 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante otras 96 h a 20 ºC.

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

Para la transformación de plantas se genera otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertan por medio de PCR los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las correspondientes secuencias de cebadores se derivan de la región 5' y 3' de las desaturasas.

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incuba de la misma manera. A continuación se separan los productos de PCR así como el vector mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortan los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realiza por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos se verifican mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3', SEQ ID NO: 144).

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

Ejemplo 31: Expresión de OtDes6.1 en levaduras

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 4 con los plásmidos pYES2 y pYES2-OtDes6.2 se analizaron de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

Ejemplo 32: Caracterización funcional de desaturasas de *Ostreococcus*

La especificidad de sustrato de desaturasas puede determinarse tras la expresión en levadura (véanse ejemplos de clonación de genes de desaturasa, expresión en levadura) mediante la alimentación por medio de distintas levaduras. Las descripciones para la determinación de las actividades individuales se encuentran en el documento WO 93/11245 para Δ15-desaturasas, documento WO 94/11516 para Δ12-desaturasas, documentos WO 93/06712, US 5.614.393, US 5614393, WO 96/21022, WO 0021557 y WO 99/27111 para Δ6-desaturasas, Qiu y col. 2001, J. Biol. Chem. 276, 31561-31566 para Δ4-desaturasas, Hong y col. 2002, Lipids 37,863-868 para Δ5-desaturasas.

La tabla 9 reproduce la especificidad de sustrato de la desaturasa OtDes6.1 frente a distintos ácidos grasos. La especificidad de sustrato de OtDes6.1 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos. Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtDes6.2 (figura 20). Esto significa que el gen OtDes6.1 pudo expresarse funcionalmente.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-OtDes6.1 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos indicados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME por medio de CGL. Cada valor reproduce el valor medio (n=3) ± desviación estándar. La actividad corresponde a la tasa de conversión calculada según [sustrato/(sustrato+producto)*100].

Tabla 9 muestra que el OtDes6.1 presenta una especificidad de sustrato para ácido linoleico y ácido linolénico ($C_{18:2}$ y $C_{18:3}$), dado que con estos ácidos grasos se consiguen las actividades más altas. La actividad de ácido oleico ($C_{18:1}$) y ácido palmitoleico ($C_{16:1}$) es por el contrario claramente más baja. La conversión preferente de ácido linoleico y ácido linolénico muestra la idoneidad de esta desaturasa para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados.

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

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

En la figura 21 se reproduce la conversión de ácido linoleico (=LA) y ácido α-linolénico (=ALA) en presencia de OtDes6.1 para dar ácido γ-linolénico (=GLA) o ácido estearidónico (=STA) (figura 21 A y C). Además muestra la figura 21 la conversión de ácido linoleico (=LA) y ácido α-linolénico (=ALA) en presencia de OtDes6.1 de Δ6-desaturasa junto con la PSE1 de Δ6-elongasa de *Physcomitrella patens* (Zank y col. 2002, Plant J. 31:255-268) y de PtD5 de Δ5-desaturasa de *Phaeodactylum tricornutum* (Domergue y col. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113) para dar ácido dihomo-γ-linolénico (= DHGLA) y ácido araquidónico (=ARA, figura 21 B) o para dar ácido dihomoestearidónico (= DHSTA) o ácido eicosapentaenoico (= EPA, figura 21 D). La figura 21 muestra claramente que los productos de reacción GLA y STA de OtDes6.1 de Δ6-desaturasa en presencia de PSE1 de Δ6-elongasa se elongan casi cuantitativamente para dar DHGLA o DHSTA. La desaturación posterior mediante el PtD5 de Δ5-desaturasa se realiza igualmente sin dificultades para dar ARA o EPA. Se desaturan aproximadamente del 25 % al 30 % del producto de elongasa (figura 21 B y D).

La siguiente tabla 10 reproduce un resumen de las desaturasas de Ostreococcus clonadas:

Desaturasas de *Ostreococcus tauri*							
Nombre	**pb**	**aa**	**Homología**	**Cyt. B5**	**Caja de His 1**	**Caja de His 2**	**Caja de His 3**
OtD4	1611	536	Δ4-desaturasa	HPGG	HCANH	WRYHHQVSHH	QVEHHLFP
OtD5.1	606	201	Δ5-desaturasa	-	-	-	QVVHHLFP
OtD5.2	714	237	Δ5-desaturasa	-	-	WRYHHMVSHH	QIEHHLPF
OtD6.1	1443	480	Δ6-desaturasa	HPGG	HEGGH	WNSMHNKHH	QVIHHLFP
OtFAD2	1086	361	Δ12-desaturasa	-	HECGH	WQRSHAVHH	HVAHH

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

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

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos	Homología
TpD4	SEQ ID NO: 103	503	Δ4-desaturasa
TpD5-1	SEQ ID NO: 99	476	Δ5-desaturasa
TpD5-2	SEQ ID NO: 101	482	Δ5-desaturasa
TpD6	SEQ ID NO: 97	484	Δ6-desaturasa
TpFAD2	SEQ ID NO: 109	434	Δ12-desaturasa
TpO3	SEQ ID NO: 105	418	ω3-desaturasa

La clonación se realizó tal como sigue:

Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Thalassiosira pseudonana* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 µl de agua bidestilada y se almacenaron a -20 ºC. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los correspondientes ADN genómicos. Los correspondientes pares de cebadores se seleccionaron de modo que éstos llevaban la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) junto al codón de inicio. La amplificación de los ADNTpDes se realizó en cada caso con 1 µl de células descongeladas, dNTPs 200 µM, 2,5 U de Taq-polimerasa y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

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

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

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

Para la expresión de las desaturasas de Tp se inoculan en primer lugar cultivos previos de en cada caso 5 ml de medio líquido CMdum con un 2 % (p/v) de rafinosa sin embargo sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incuban durante 2 días a 30 ºC, 200 rpm. Se inoculan entonces 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con un 2 % de rafinosa y 300 µM de distintos ácidos grasos con los cultivos previos hasta obtener un DO_{600} de 0,05. La expresión se induce mediante la adición del 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incuban durante otras 96 h a 20 ºC.

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

Para la transformación de plantas se genera otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertan por medio de PCR los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las correspondientes secuencias de cebador se derivan de la región 5' y 3' de las desaturasas.

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incuba de la misma manera. A continuación se separan los productos de PCR así como el vector mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortan los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realiza por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos se verifican mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3'; SEQ ID NO: 143)

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

Ejemplo 36: Expresión de desaturasas de Tp en levaduras

Las levaduras que se transforman tal como en el ejemplo 4 con los plásmidos pYES2 y pYES2-TpDesaturasen se analizan de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogen mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavan con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se preparan ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incuban los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavan las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secan las fases de PE con Na_2SO_4, se concentran bajo argón y se suspenden en 100 µl de PE. Las muestras se separan en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL son tal como sigue: la temperatura horno se programa de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

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

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

La actividad de las desaturasas individuales se calcula a partir de la tasa de conversión según la fórmula [sustrato/(sustrato+producto)*100].

Las siguientes tablas 11 y 12 reproducen un resumen de las desaturasas de *Thalassiosira pseudonana* clonadas.

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

Desaturasa	**ADNc (pb)**	**Proteína (aa)**	**Cyt. B5**	**Caja de His1**	**Caja de His2**	**Caja de His3**
TpD4	1512	503	HPGG	HDGNH	WELQHMLGHH	QIEHHLFP
TpD5-1	1431	476	HPGG	HDANH	WMAQHWTHH	QVEHHLFP
TpD5-2	1443	482	HPGG	HDANH	WLAQHWTHH	QVEHHLFP
TpD6	1449	484	HPGG	HDFLH	WKNKHNGHH	QVDHHLFP
TpFAD2 (d12)	1305	434	-	HECGH	HAKHH	HVAHHLFH
TpO3	1257	419	-	HDAGH	WLFMVTYLQH H	HVVHHLF

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

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

De manera análoga a los ejemplos mencionados anteriormente pueden clonarse también los genes de Δ12-desaturasa de *Ostreococcus* y *Thalassiosira*.

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

Mediante la búsqueda de regiones conservadas (véanse las secuencias consenso, SEQ ID NO: 115 y SEQ ID NO: 116) en las secuencias de proteínas en bancos de datos de genes (Genbank) con ayuda de los genes de elongasa expuestos en la solicitud con actividad Δ5-elongasa o actividad Δ6-elongasa pudieron identificarse y asilarse otras secuencias de elongasa de otros organismos. De *X. laevis* o de *C. intestinalis* pudieron identificarse con correspondientes motivos en cada caso otras secuencias. A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

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

El clon de ADNc de *X. laevis* se obtuvo del NIH (National Institut of Health) [Genetic and genomic tolos for Xenopus research: The NIH Xenopus initiative, Dev. Dyn. 225 (4), 384-391 (2002)].

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

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

La amplificación de los ADN de elongasa se realizó en cada caso 1 µl de ADNc, dNTPs 200 µM, 2,5 U de polimerasa Advantage y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

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

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

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

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

Para la transformación de plantas se genera otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertan con el siguiente par de cebadores los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de la secuencia codificante:

pSUN-ELO(XI)

directo: 5'-GCGGCCGCACCATGGCCTTCAAGGAGCTCACATC (SEQ ID NO: 125)
inverso: 3'-GCGGCCGCCTTCAATGGTTTTTGCTTTTCAATGCACCG (SEQ ID NO: 126)

pSUN-ELO(Ci)

directo: 5'-GCGGCCGCACCATGGACGTACTTCATCGT (SEQ ID NO: 127)
inverso: 3'-GCGGCCGCTTTAATCGGTTTTACCATT (SEQ ID NO: 128)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incubó de la misma manera. A continuación se separaron los productos de PCR así como el vector de 7624 pb de tamaño mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pSUN-ELO(XI) y pSUN-ELO(Ci) se verificaron mediante secuenciación.

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

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

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

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de manera idéntica al ejemplo 6.

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

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

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

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

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

La tabla 13 muestra que el ELO(XI) presenta una amplia especificidad de sustrato. Se alargan tanto ácidos grasos C_{18} como C_{20}, pudiéndose observar una preferencia de ácidos grasos desaturados en $\Delta 5$ y $\Delta 6$.

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

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

(alimentados en cada caso en 250 μM).

Productos de partida	Conversión de los productos de partida mediante ELO(XI) en %
16:0	3
$16:1^{\Delta 9}$	0
18:0	2
$18:1^{\Delta 9}$	0
$18:2^{\Delta 9,12}$	3
$18:3^{\Delta 6,9,12}$	12
$18:3^{\Delta 5,9,12}$	13
$18:3^{\Delta 9,12,15}$	3
$18:4^{\Delta 6,9,12,15}$	20
$20:3^{\Delta 8,11,14}$	5
$20:3^{\Delta 11,14,17}$	13
$20:4^{\Delta 5,8,11,14}$	15
$20:5^{\Delta 5,8,11,14,17}$	10
$22:4^{\Delta 7,10,13,16}$	0
$22:6^{\Delta 4,7,10,13.16,19}$	0

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

Tabla 14: Expresión de ELO(Ci) en levadura. Se describe la tasa de conversión de distintos productos de partida (alimentados en cada caso en 250 μM).

Productos de partida	Conversión de los productos de partida mediante ELO(Ci) en %
16:0	0
$16:1^{\Delta 9}$	0
18:0	0
$18:1^{\Delta 9}$	0
$18:2^{\Delta 9,12}$	23
$18:3^{\Delta 6,9,12}$	10
$18:3^{\Delta 5,9,12}$	38
$18:3^{\Delta 9,12,15}$	25
$18:4^{\Delta 6,9,12,15}$	3
$20:3^{\Delta 8,11,14}$	10
$20:3^{\Delta 11,14,17}$	8

(continuación)

Productos de partida	Conversión de los productos de partida mediante ELO(Ci) en %
$20:4^{\Delta5,8,11,14}$	10
$20:5^{\Delta5,8,11,14,17}$	15
$22:4^{\Delta7,10,13,16}$	0
$22:6^{\Delta4,7,10,13,16,19}$	0

La tabla 14 muestra que el ELO(Ci) presenta una amplia especificidad de sustrato. Se alargan tanto ácidos grasos C_{18} como C_{20}, pudiéndose observar una preferencia de ácidos grasos desaturados en $\Delta5$ y $\Delta6$.

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

Ejemplo 43: Clonación de genes de *Ostreococcus tauri*

Mediante la búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes de elongasa descritos en el presente documento con actividad $\Delta5$-elongasa o actividad $\Delta6$-elongasa pudieron identificarse en cada caso dos secuencias con correspondientes motivos en un banco de datos de secuencias de *Ostreococcus tauri* (secuencias genómicas). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
OtELO1, ($\Delta5$-elongasa)	SEQ ID NO: 67	300
OtELO1.2, ($\Delta5$-elongasa)	SEQ ID NO: 113	300
OtELO2, ($\Delta6$-elongasa)	SEQ ID NO: 69	292
OtELO2.1, ($\Delta6$-elongasa)	SEQ ID NO: 111	292

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

La clonación de las elongasas se realizó tal como sigue:

Se separaron mediante centrifugación 40 ml de un cultivo de *Ostreococcus tauri* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 µl de agua bidestilada y se almacenaron a -20 ºC. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los correspondientes ADN genómicos. Los correspondientes pares de cebadores se seleccionaron de modo que éstos llevaban la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) junto al codón de inicio. La amplificación de los ADN de OtElo se realizó en cada caso con 1 µl de células descongeladas, dNTPs 200 µM, 2,5 U de Taq-polimerasa y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

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

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

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

Para la expresión de las elongasas de Ot se inocularon en primer lugar cultivos previos de en cada caso 5 ml de medio líquido CMdum con un 2 % (p/v) de rafinosa sin embargo sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron durante 2 días a 30 ºC, 200 rpm. Se inocularon entonces 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con un 2 % de rafinosa y 300 μM de distintos ácidos grasos con los cultivos previos hasta obtener un DO_{600} de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición de un 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante otras 96 h a 20 ºC.

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

Para la transformación de plantas se generó otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se insertaron por medio de PCR los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las correspondientes secuencias de cebador se derivaron de la región 5' y 3' de OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 y OtElo2.1.

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 μl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incuba de la misma manera. A continuación se separaron los productos de PCR así como el vector mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realizó por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para ello se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos producidos pSUNOtELO1, pSUN-OtELO1.2, pSUN-OtELO2 y pSUN-OtELO2.2 se verificaron mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3'). (SEQ ID NO: 130)

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

Ejemplo 46: Expresión de OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 y OtELO2.2 en levaduras

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

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano

durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

Ejemplo 47: Caracterización funcional de OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 y OtElo2.1

La especificidad de sustrato de OtElo1 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (tabla 15). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtElo1. Esto significa que el gen OtElo1 pudo expresarse funcionalmente.

La tabla 15 muestra que OtElo1 o OtElo1.2 presenta una estrecha especificidad de sustrato. OtElo1 o OtElo1.2 pudo elongar únicamente los ácidos grasos C_{20} ácido eicosapentaenoico (figura 24A, 24B) y ácido araquidónico (figura 25A, 25B), preferentemente sin embargo el ácido eicosapentaenoico desaturado en ω3.

La tabla 15 muestra la especificidad de sustrato de OtElo1 y OtElo1.2 de elongasa para ácidos grasos poliinsaturados C_{20} con un doble enlace en la posición Δ5 frente a distintos ácidos grasos.

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

La especificidad de sustrato de OtElo2 (SEQ ID NO: 81) OtElo2.1 (SEQ ID NO: 111) pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (tabla 16). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtElo2. Esto significa que los genes OtElo2 y OtElo2.1 pudieron expresarse funcionalmente.

Tabla 15:

Sustrato de ácido graso	**Conversión (en %) de OtElo1**	**Conversión (en %) de OtElo1.2**
16:0	-	-
$16:1^{\Delta 9}$	-	-
18:0	-	-
$18:1^{\Delta 9}$		-
$18:1^{\Delta 11}$	-	-
$18:2^{\Delta 9,12}$	-	-
$18:3^{\Delta 6,9,12}$	-	-
$18:3^{\Delta 5,9,12}$	-	-
$20:3^{\Delta 8,11,14}$	-	-
$20:4^{\Delta 5,8,11,14}$	**10,8 ± 0,6**	**38,0**
$20:5^{\Delta 5,8,11,14,17}$	**46,8 ± 3,6**	**68,6**
$22:4^{\Delta 7,10,13,16}$	-	-
$22:6^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$	-	-

La tabla 16 muestra la especificidad de sustrato de OtElo2 y OtElo2.1 de elongasa frente a distintos ácidos grasos. OtElo2.1 muestra una actividad claramente más alta.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pOTE2 o pOTE2.1 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos indicados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME por medio de CGL.

La actividad enzimática, que se reproduce en la tabla 16, muestra claramente que OtElo2 o OtElo2.1 es una Δ6-elongasa.

Tabla 16:

Sustrato de ácido graso	**Conversión (en %) de OtElo2**	**Conversión (en %) de OtELO2.2**
16:0	-	-
$16:1^{\Delta 9}$	-	-
$16:3^{\Delta 7,10,13}$	-	-
18:0	-	-
$18:1^{\Delta 6}$	-	-
$18:1^{\Delta 9}$	-	-
$18:1^{\Delta 11}$	-	-
$18:2^{\Delta 9,12}$	-	-
$18:3^{\Delta 6,9,12}$	**15,3**	**55,7**
$18:3^{\Delta 5,9,12}$	-	-
$18:4^{\Delta 6,9,12,15}$	**21,1**	**70,4**
$20:2^{\Delta 11,14}$	-	-
$20:3^{\Delta 8,11,14}$	-	-
$20:4^{\Delta 5,8,11,14}$	-	-
$20:5^{\Delta 5,8,11,14,17}$	-	-
$22:4^{\Delta 7,10,13,16}$	-	-
$22:5^{\Delta 7,10,13,16,19}$	-	-
$22:6^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$	-	-

La figura 24 A - D muestra la elongación de ácido eicosapentaenoico mediante OtElo1 (B) o OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto de la elongación ($C_{22:5}$ ω3).

La figura 25 A - D muestra la elongación de ácido araquidónico mediante OtElo1 (B) o OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto de la elongación ($C_{22:4}$ ω6).

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

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

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

La clonación de las elongasas de Euglena gracilis se realizó tal como sigue:

La cepa de *Euglena gracilis* 1224-5/25 se obtuvo de la Colección de cultivos de algas de Göttingen (SAG). Para el aislamiento se puso la cepa en medio II (Calvayrac R and Douce R, FEBS Letters 7:259-262, 1970) durante 4 días a 23 ºC con un intervalo de luz/oscuridad de 8 h/16 h (35 mol s^{-1} m^{-2} de intensidad de luz).

El ARN total de un cultivo de Euglena de cuatro días se aisló con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Qiagen (Valencia, CA, EE.UU.). De todo el ARN se aisló con ayuda de oligo-dT-celulosa ARN poli-A+ (ARNm) (Sambrook y col., 1989). El ARN se transcribió de manera inversa con el kit Reverse Transcription System de Promega y el ADNc sintetizado se clonó en el vector lambda ZAP (lambda ZAP Gold, Stratagene). De manera correspondiente a las indicaciones del fabricante se desempaquetó el ADNc para dar el ADN de plásmido y se secuenciaron los clones para la secuenciación aleatoria. De todo el ARN se aisló ARNm con ayuda del sistema de aislamiento PolyATract (Promega). El ARNm se transcribió de manera inversa con el kit de amplificación de ADNc Marathon (BD Biosciences) y de manera correspondiente a las indicaciones del fabricante se ligaron los adaptadores. Se usó entonces el banco de ADNc para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión por medio de 5'- y 3'-RACE (rapid amplification of cDNA ends).

La clonación de las elongasas de *Arabidopsis thaliana* se realizó tal como sigue:

Partiendo del ADN genómico se derivaron para los dos genes cebadores que corresponden al extremo 5' y 3' del marco de lectura abierto.

Para el aislamiento de ARN total de *A. thaliana* se procedió según Chrigwin y col., (1979). Se trituraron en mortero hojas de plantas de 21 días de antigüedad en nitrógeno líquido, se mezclaron con tampón de disgregación y se incubaron durante 15 min a 37 ºC. Tras la centrifugación (10 min, 4 ºC, 12000xg) se hizo precipitar el ARN en el sobrenadante con 0,02 volúmenes de acetato de sodio 3 M pH 5,0 y 0,75 volúmenes de etanol a -20 ºC durante 5 h. El ARN se suspendió entonces tras otra etapa de centrifugación en 1 ml de TES por g de material de partida, se extrajo una vez con un volumen de fenol-cloroformo y una vez con un volumen de cloroformo y se hizo precipitar el ARN con LiCl 2,5 M. Tras la siguiente centrifugación y lavado con etanol al 80 % se resuspendió el ARN en agua. De manera correspondiente a Sambrook y col. 1989 se sintetizó el ADNc y se realizó RT-PCR con el cebador derivado. Los productos de PCR se clonaron según las indicaciones del fabricante en el vector pYES2.1-TOPO (Invitrogen).

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

Para la caracterización de la función de las elongasas de *A. thalina* se clonaron los marcos de lectura abiertos de los respectivos ADN en el sentido de 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa por pYES2.1N5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose pAt60 y pAt70.

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

Para la expresión delas elongasas de At se inocularon en primer lugar cultivos previos de en cada caso 5 ml de medio líquido CMdum con un 2 % (p/v) de rafinosa sin embargo sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron durante 2 días a 30 ºC, 200 rpm.

Se inocularon entonces 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con un 2 % de rafinosa y 300 μM de distintos ácidos grasos con los cultivos previos hasta obtener un DO_{600} de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición de un 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante otras 96 h a 20 ºC.

Ejemplo 50: Expresión de pAt60 y pAt70 en levaduras

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 5 con los plásmidos pYES2.1, pAt60 o pAt70 se analizaron de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

Ejemplo 51: Caracterización funcional de pAt60 y pAt70

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

Tabla 17: elongación de EPA mediante las elongasas At3g06460 o At3g06470. Medición de los extractos de levadura tras alimentación con 250 uM de EPA.

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

La figura 26 reproduce la elongación de $C_{20:}5$ n-3 mediante las elongasas At3g06470.

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

Partiendo de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes de elongasa expuestos en la solicitud con actividad Δ6-elongasa se prepararon cebadores degenerados y con éstos se examinó un banco de ADNc de *Phaeodactylum* por medio de PCR. Se usaron las siguientes secuencias de cebadores:

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

Las bases de nucleótidos entre paréntesis significan que se encuentra una mezcla de oligonucleótidos con en cada caso una u otra base de nucleótido.

Preparación del banco de ADNc de *Phaeodactylum*:

Un cultivo de 2 l de *P. tricornutum* UTEX 646 se puso en medio f/2 (Guillard, R.R.L. 1975. Culture of phytoplankton

for feeding marine invertebrates. In Culture of Marine Invertebrate Animals (Eds. Smith, W.L. and Chanley, M.H.), Plenum Press, New York, pág. 29-60.) durante 14 d (= días) con una intensidad de luz de 35 E/cm^2. Se trituraron células congeladas tras la centrifugación en presencia de nitrógeno líquido hasta obtener un polvo fino y se resuspendieron con 2 ml de tampón de homogeneización (sorbitol 0,33 M, NaCl 0,3 M, EDTA 10 mM, EGTA 10 mM, 2 % de SDS, 2 % de mercaptoetanol en Tris-Cl 0,2 M pH 8,5). Tras adición de 4 ml de fenol y 2 ml de cloroformo se agitó durante 15 min fuertemente a 40-50 ºC. A continuación se centrifugó (10 min x 10000 g) y se extrajo la fase acuosa gradualmente con cloroformo. Los ácidos nucleicos se hicieron precipitar entonces mediante adición de 1/20 volúmenes de solución de hidrogenocarbonato de sodio 4 M y se centrifugaron. El sedimento se suspendió en Tris-borato 80 mM pH 7,0 y EDTA 1 mM y se hizo precipitar el ARN con cloruro de litio 8 M. Tras la centrifugación y lavado con etanol al 70 % se suspendió el sedimento de ARN con agua libre de Rnasa. Se aisló ARN poli(A) con Dynabeads (Dynal, Oslo, Noruega) según las indicaciones del fabricante y se realizó la síntesis de ADNc monocatenario con MLV-Rtase de Roche (Mannheim). La síntesis de doble cadena se realizó entonces por medio de ADN polimerasa I y fragmento Klenow, seguido de una digestión con RnaseH. El ADNc se trató con T4 ADN polimerasa y a continuación se acoplaron adaptadores de EcoRI/XhoI (Pharmacia, Freiburg) por medio de T4 ligasa. Tras la digestión con XhoI, fosforilación y separación en gel se ligaron fragmentos mayores de 300 pb de manera correspondiente a las indicaciones del fabricante en los fagos lambda ZAP Express (Stratagene, Amsterdam, Países Bajos). Tras la escisión de masa del banco de ADNc y la recuperación de plásmido se transformó el banco de plásmidos en células DH10B de *E. coli* y se usó para la examinación por PCR.

Por medio de los cebadores degenerados obtenidos anteriormente pudo generarse el fragmento de PCR con el número de secuencia SEQ ID NO: 187.

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

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

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

Los correspondientes pares de cebadores se seleccionaron de modo que éstos llevaban la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) junto al codón de inicio. La amplificación del ADN de PtELO6 se realizó en cada caso con 1 μl de ADNc, dNTPs 200 μM, 2,5 U de polimerasa Advantage y 100 pmol de cada cebador en un volumen total de 50 μl. Las condiciones para la PCR eran tal como sigue: primera desnaturalización a 95 ºC durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 94 ºC durante 30 segundos, 55 ºC durante 1 minuto y 72 ºC durante 2 minutos así como una última etapa de alargamiento a 72 ºC durante 10 minutos.

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

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

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

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

Para la transformación de plantas se genera otro vector de transformación a base de pSUN-USP. Para ello se inserta con el siguiente par de cebadores los sitios de corte NotI en el extremo 5' y 3' de la secuencia codificante:

PSUN-PtELO6

directo: 5'-GCGGCCGCACCATGATGGTACCTTCAAGTTA (SEQ ID NO: 190)
inverso: 3'-GAAGACAGCTTAATAGGCGGCCGC (SEQ ID NO: 191)

Composición de la mezcla de reacción de PCR (50 µl):

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

Se usó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de reacción de la PCR:

temperatura de adición: 1 min 55 ºC
temperatura de desnaturalización: 1 min 94 ºC
temperatura de elongación: 2 min 72 ºC
número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 ºC con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión de plantas pSUN300-USP se incuba de la misma manera. A continuación se separan los productos de PCR así como el vector de 7624 pb de tamaño mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortan los correspondientes fragmentos de ADN. La purificación del ADN se realiza por medio del kit Gel Purification de Qiagen de acuerdo con las indicaciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para ello se usa el kit Rapid Ligation de Roche. El plásmido producido pSUN-PtELO se verifica mediante secuenciación.

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

(Secuencia de cebador: 5'-
GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA–3'; SEQ ID NO: 151).

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

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de manera idéntica al ejemplo 6.

Ejemplo 55: Expresión de PtElo en levaduras

Las levaduras que se transformaron tal como en el ejemplo 4 con los plásmidos pYES2 y pYES2-PtELO6 se analizaron de la siguiente manera:

Las células de levadura de los cultivos principales se recogieron mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 ºC) y se lavaron con $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0, para separar el medio residual y ácidos grasos. De los sedimentos de células de levadura se prepararon ésteres metílicos de ácido graso (FAMEs) mediante metanólisis ácida. Para ello se incubaron los sedimentos celulares con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y el 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 ºC. La extracción de los FAMES se realizó mediante doble extracción con éter de petróleo (PE). Para la separación de ácidos grasos no derivatizados se lavaron las fases orgánicas en cada caso una vez con 2 ml de $NaHCO_3$ 100 mM, pH 8,0 y 2 ml de agua destilada. A continuación se secaron las fases de PE con Na_2SO_4, se concentraron bajo argón y se suspendieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de CGL eran tal como sigue: la temperatura de horno se programó de 50 ºC a 250 ºC con una velocidad de 5 ºC/min y finalmente 10 min a 250 ºC (mantener).

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

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

Ejemplo 56: Caracterización funcional de PtELO6

En la figura 29 está reproducida la conversión de $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$ y $C_{18:4}^{\Delta 6,9,12,15}$. Los sustratos se elongan en cada caso en dos átomos de carbono, produciéndose respectivamente los ácidos grasos $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$ o $C_{20:4}^{\Delta 8,11,14,17}$. La especificidad de sustrato de PtELO6 pudo determinarse tras la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (figura 30). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de PtElo6. Esto significa que el gen PtELO6 pudo expresarse funcionalmente.

La tabla 18 muestra que el PtElo6 presenta una estrecha especificidad de sustrato. PtELO6 pudo elongar únicamente los ácidos grasos C_{18} ácido linoleico, ácido linolénico, ácido γ-linolénico y ácido estearidónico, preferentemente sin embargo el ácido estearidónico desaturado en $\omega 3$ (véase también la figura 30). Experimento de alimentación: se añadieron ácidos grasos (fett) en cada caso con 250 μM. Los ácidos grasos subrayados se formaron de nuevo.

Tabla 18: especificidad de sustrato de PtElo6

Ácido graso alimentado:		**+ 18:2**	**+ 18:3**	**+ 18:3**	**+ 18:4**
16:0	16,2	18,2	15,2	20	04:48
16:1	50,6	20,5	22,8	33,5	34,2
18:0	5,4	6,3	6,2	5,2	12,4
18:1	27,7	14,6	19,6	19,3	16,7
18:2		40			
18:3			32,9		
18:3				12,3	
18:4					4,5
20:2		0,4			
20:3			3,4		
20:3				9,7	
20:4					14,5
% de elongación	**0,0**	**0,99**	**9,37**	**44,09**	**76,32**

Los siguientes ácidos grasos se alimentaron, son embargo no se convirtieron:

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

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-PtELO6 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos indicados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácido graso se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME por medio de CGL. Así se determinaron los resultados que se han representado en las figuras 29 y 30 así como en la tabla 16.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Procedimiento para la preparación de ácidos grasos poliinsaturados en organismos transgénicos

<130> PF54756

<140> 20030601
<141> 01-08-2003

<160> 192

<170> PatentIn versión 3.1

<210> 1
<211> 1266
<212> ADN
<213> *Euglena gracilis*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1266)
<223> Delta-8-Desaturasa

<400> 1

```
atg aag tca aag cgc caa gcg ctt ccc ctt aca att gat gga aca aca        48
Met Lys Ser Lys Arg Gln Ala Leu Pro Leu Thr Ile Asp Gly Thr Thr
1               5                  10                  15

tat gat gtg tct gcc tgg gtc aat ttc cac cct ggt ggt gcg gaa att        96
Tyr Asp Val Ser Ala Trp Val Asn Phe His Pro Gly Gly Ala Glu Ile
            20                  25                  30

ata gag aat tac caa gga agg gat gcc act gat gcc ttc atg gtt atg       144
Ile Glu Asn Tyr Gln Gly Arg Asp Ala Thr Asp Ala Phe Met Val Met
        35                  40                  45

cac tct caa gaa gcc ttc gac aag ctc aag cgc atg ccc aaa atc aat       192
His Ser Gln Glu Ala Phe Asp Lys Leu Lys Arg Met Pro Lys Ile Asn
    50                  55                  60

ccc agt tct gag ttg cca ccc cag gct gca gtg aat gaa gct caa gag       240
Pro Ser Ser Glu Leu Pro Pro Gln Ala Ala Val Asn Glu Ala Gln Glu
65                  70                  75                  80

gat ttc cgg aag ctc cga gaa gag ttg atc gca act ggc atg ttt gat       288
Asp Phe Arg Lys Leu Arg Glu Glu Leu Ile Ala Thr Gly Met Phe Asp
                85                  90                  95

gcc tcc ccc ctc tgg tac tca tac aaa atc agc acc aca ctg ggc ctt       336
Ala Ser Pro Leu Trp Tyr Ser Tyr Lys Ile Ser Thr Thr Leu Gly Leu
            100                 105                 110

gga gtg ctg ggt tat ttc ctg atg gtt cag tat cag atg tat ttc att       384
Gly Val Leu Gly Tyr Phe Leu Met Val Gln Tyr Gln Met Tyr Phe Ile
        115                 120                 125

ggg gca gtg ttg ctt ggg atg cac tat caa cag atg ggc tgg ctt tct       432
Gly Ala Val Leu Leu Gly Met His Tyr Gln Gln Met Gly Trp Leu Ser
    130                 135                 140

cat gac att tgc cac cac cag act ttc aag aac cgg aac tgg aac aac       480
His Asp Ile Cys His His Gln Thr Phe Lys Asn Arg Asn Trp Asn Asn
145                 150                 155                 160
```

```
ctc gtg gga ctg gta ttt ggc aat ggt ctg caa ggt ttt tcc gtg aca      528
Leu Val Gly Leu Val Phe Gly Asn Gly Leu Gln Gly Phe Ser Val Thr
                165                 170                 175

tgc tgg aag gac aga cac aat gca cat cat tcg gca acc aat gtt caa      576
Cys Trp Lys Asp Arg His Asn Ala His His Ser Ala Thr Asn Val Gln
            180                 185                 190

ggg cac gac cct gat att gac aac ctc ccc ctc tta gcc tgg tct gag      624
Gly His Asp Pro Asp Ile Asp Asn Leu Pro Leu Leu Ala Trp Ser Glu
        195                 200                 205

gat gac gtc aca cgg gcg tca ccg att tcc cgc aag ctc att cag ttc      672
Asp Asp Val Thr Arg Ala Ser Pro Ile Ser Arg Lys Leu Ile Gln Phe
    210                 215                 220

cag cag tat tat ttc ttg gtc atc tgt atc ttg ttg cgg ttc att tgg      720
Gln Gln Tyr Tyr Phe Leu Val Ile Cys Ile Leu Leu Arg Phe Ile Trp
225                 230                 235                 240

tgt ttc cag agc gtg ttg acc gtg cgc agt ctg aag gac aga gat aac      768
Cys Phe Gln Ser Val Leu Thr Val Arg Ser Leu Lys Asp Arg Asp Asn
                245                 250                 255

caa ttc tat cgc tct cag tat aag aag gag gcc att ggc ctc gcc ctg      816
Gln Phe Tyr Arg Ser Gln Tyr Lys Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Leu
            260                 265                 270

cat tgg aca ttg aag gcc ctg ttc cac tta ttc ttt atg ccc agc atc      864
His Trp Thr Leu Lys Ala Leu Phe His Leu Phe Phe Met Pro Ser Ile
        275                 280                 285

ctc aca tcg ctg ttg gta ttt ttc gtt tcg gag ctg gtt ggc ggc ttc      912
Leu Thr Ser Leu Leu Val Phe Phe Val Ser Glu Leu Val Gly Gly Phe
    290                 295                 300

ggc att gcg atc gtg gtg ttc atg aac cac tac cca ctg gag aag atc      960
Gly Ile Ala Ile Val Val Phe Met Asn His Tyr Pro Leu Glu Lys Ile
305                 310                 315                 320

ggg gac tcg gtc tgg gat ggc cat gga ttc tcg gtt ggc cag atc cat     1008
Gly Asp Ser Val Trp Asp Gly His Gly Phe Ser Val Gly Gln Ile His
                325                 330                 335

gag acc atg aac att cgg cga ggg att atc aca gat tgg ttt ttc gga     1056
Glu Thr Met Asn Ile Arg Arg Gly Ile Ile Thr Asp Trp Phe Phe Gly
            340                 345                 350

ggc ttg aac tac cag atc gag cac cat ttg tgg ccg acc ctc cct cgc     1104
Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu Trp Pro Thr Leu Pro Arg
        355                 360                 365

cac aac ctg aca gcg gtt agc tac cag gtg gaa cag ctg tgc cag aag     1152
His Asn Leu Thr Ala Val Ser Tyr Gln Val Glu Gln Leu Cys Gln Lys
    370                 375                 380

cac aac ctg ccg tat cgg aac ccg ctg ccc cat gaa ggg ttg gtc atc     1200
His Asn Leu Pro Tyr Arg Asn Pro Leu Pro His Glu Gly Leu Val Ile
385                 390                 395                 400

ctg ctg cgc tat ctg gcg gtg ttc gcc cgg atg gcg gag aag caa ccc     1248
Leu Leu Arg Tyr Leu Ala Val Phe Ala Arg Met Ala Glu Lys Gln Pro
                405                 410                 415

gcg ggg aag gct cta taa                                            1266
Ala Gly Lys Ala Leu
            420
```

<210> 2
<211> 421
<212> PRT

<213> *Euglena gracilis*

<400> 2

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ala Gly Lys Ala Leu
            420
```

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

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

<400> 3

```
atg gcc ctc gca aac gac gcg gga gag cgc atc tgg gcg gct gtg acc      48
Met Ala Leu Ala Asn Asp Ala Gly Glu Arg Ile Trp Ala Ala Val Thr
1               5                   10                  15

gac ccg gaa atc ctc att ggc acc ttc tcg tac ttg cta ctc aaa ccg      96
Asp Pro Glu Ile Leu Ile Gly Thr Phe Ser Tyr Leu Leu Leu Lys Pro
            20                  25                  30
```

```
ctg ctc cgc aat tcc ggg ctg gtg gat gag aag aag ggc gca tac agg      144
Leu Leu Arg Asn Ser Gly Leu Val Asp Glu Lys Lys Gly Ala Tyr Arg
        35                  40                  45

acg tcc atg atc tgg tac aac gtt ctg ctg gcg ctc ttc tct gcg ctg      192
Thr Ser Met Ile Trp Tyr Asn Val Leu Leu Ala Leu Phe Ser Ala Leu
    50                  55                  60

agc ttc tac gtg acg gcg acc gcc ctc ggc tgg gac tat ggt acg ggc      240
Ser Phe Tyr Val Thr Ala Thr Ala Leu Gly Trp Asp Tyr Gly Thr Gly
65                  70                  75                  80

gcg tgg ctg cgc agg caa acc ggc gac aca ccg cag ccg ctc ttc cag      288
Ala Trp Leu Arg Arg Gln Thr Gly Asp Thr Pro Gln Pro Leu Phe Gln
                85                  90                  95

tgc ccg tcc ccg gtt tgg gac tcg aag ctc ttc aca tgg acc gcc aag      336
Cys Pro Ser Pro Val Trp Asp Ser Lys Leu Phe Thr Trp Thr Ala Lys
            100                 105                 110

gca ttc tat tac tcc aag tac gtg gag tac ctc gac acg gcc tgg ctg      384
Ala Phe Tyr Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Tyr Leu Asp Thr Ala Trp Leu
        115                 120                 125

agg gtc tcc ttt ctc cag gcc ttc cac cac ttt ggc gcg ccg tgg gat      432
Arg Val Ser Phe Leu Gln Ala Phe His His Phe Gly Ala Pro Trp Asp
    130                 135                 140

gtg tac ctc ggc att cgg ctg cac aac gag ggc gta tgg atc ttc atg      480
Val Tyr Leu Gly Ile Arg Leu His Asn Glu Gly Val Trp Ile Phe Met
145                 150                 155                 160

ttt ttc aac tcg ttc att cac acc atc atg tac acc tac tac ggc ctc      528
Phe Phe Asn Ser Phe Ile His Thr Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu
                165                 170                 175

acc gcc gcc ggg tat aag ttc aag gcc aag ccg ctc atc acc gcg atg      576
Thr Ala Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Ala Lys Pro Leu Ile Thr Ala Met
            180                 185                 190

cag atc tgc cag ttc gtg ggc ggc ttc ctg ttg gtc tgg gac tac atc      624
Gln Ile Cys Gln Phe Val Gly Gly Phe Leu Leu Val Trp Asp Tyr Ile
        195                 200                 205

aac gtc ccc tgc ttc aac tcg gac aaa ggg aag ttg ttc agc tgg gct      672
Asn Val Pro Cys Phe Asn Ser Asp Lys Gly Lys Leu Phe Ser Trp Ala
    210                 215                 220

ttc aac tat gca tac gtc ggc tcg gtc ttc ttg ctc ttc tgc cac ttt      720
Phe Asn Tyr Ala Tyr Val Gly Ser Val Phe Leu Leu Phe Cys His Phe
225                 230                 235                 240

ttc tac cag gac aac ttg gca acg aag aaa tcg gcc aag gcg ggc aag      768
Phe Tyr Gln Asp Asn Leu Ala Thr Lys Lys Ser Ala Lys Ala Gly Lys
                245                 250                 255

cag ctc tag                                                         777
Gln Leu
```

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

<400> 4

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Gln Leu
```

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

<220>

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

<400> 5

```
atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta       48
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
1               5                  10                  15

gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt       96
Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
            20                  25                  30

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat      144
Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
        35                  40                  45

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt      192
Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
    50                  55                  60

ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat      240
Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lya Met Ile His Pro Tyr His
65                  70                  75                  80

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat      288
Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
                85                  90                  95

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa      336
Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
            100                 105                 110

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg      384
Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
        115                 120                 125

gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg      432
Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
    130                 135                 140

cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc      480
Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145                 150                 155                 160

tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc      528
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
                165                 170                 175

aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc      576
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
            180                 185                 190

ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa      624
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
        195                 200                 205

cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat      672
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
    210                 215                 220
```

```
agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat      720
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225                 230                 235                 240

cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg      768
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
                245                 250                 255

ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att      816
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
            260                 265                 270

ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac      864
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
        275                 280                 285

aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct      912
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
    290                 295                 300

gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc      960
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
305                 310                 315                 320

ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg     1008
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
                325                 330                 335

gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc     1056
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
            340                 345                 350

gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa     1104
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
        355                 360                 365

cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt     1152
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
    370                 375                 380

gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa     1200
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
385                 390                 395                 400

cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc     1248
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
                405                 410                 415

ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac     1296
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
            420                 425                 430

tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac     1344
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
        435                 440                 445

gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc     1392
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
    450                 455                 460

ttg acc gga cgg gcg taa                                            1410
Leu Thr Gly Arg Ala
465
```

<210> 6
<211> 469
<212> PRT
<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 6

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Leu Thr Gly Arg Ala
465
```

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

<220>

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

<400> 7

```
atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat        48
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1               5                  10                  15

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt        96
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
            20                  25                  30

ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc       144
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
        35                  40                  45

cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa       192
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
    50                  55                  60

ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag       240
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
65                  70                  75                  80

gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat       288
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
                85                  90                  95

att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta       336
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
            100                 105                 110

cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc       384
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe
        115                 120                 125

tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc       432
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
    130                 135                 140

tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga       480
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
145                 150                 155                 160

gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat       528
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
                165                 170                 175

cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt       576
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
            180                 185                 190

gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac       624
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
        195                 200                 205

aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt       672
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
    210                 215                 220

gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat       720
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
225                 230                 235                 240

tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat       768
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
                245                 250                 255

tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca       816
Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
            260                 265                 270
```

```
atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga      864
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
        275                 280                 285

aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg      912
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
    290                 295                 300

tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg      960
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305                 310                 315                 320

ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta     1008
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
                325                 330                 335

gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac     1056
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
            340                 345                 350

atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg     1104
Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
        355                 360                 365

aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag     1152
Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
    370                 375                 380

att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act     1200
Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385                 390                 395                 400

gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac     1248
Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
                405                 410                 415

atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc     1296
Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
            420                 425                 430

cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag     1344
Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
        435                 440                 445
```

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

<400> 8

```
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1               5                   10                  15

Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
        35                  40                  45

His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
    50                  55                  60
```

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<220>

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

<400> 9

```
atg gcg ccc cac tct gcg gat act gct ggg ctc gtg cct tct gac gaa   48
Met Ala Pro His Ser Ala Asp Thr Ala Gly Leu Val Pro Ser Asp Glu
1               5                   10                  15

ttg agg cta cga acg tcg aat tca aag ggt ccc gaa caa gag caa act   96
Leu Arg Leu Arg Thr Ser Asn Ser Lys Gly Pro Glu Gln Glu Gln Thr
            20                  25                  30

ttg aag aag tac acc ctt gaa gat gtc agc cgc cac aac acc cca gca  144
Leu Lys Lys Tyr Thr Leu Glu Asp Val Ser Arg His Asn Thr Pro Ala
        35                  40                  45

gat tgt tgg ttg gtg ata tgg ggc aaa gtc tac gat gtc aca agc tgg  192
Asp Cys Trp Leu Val Ile Trp Gly Lys Val Tyr Asp Val Thr Ser Trp
    50                  55                  60

att ccc aat cat ccg ggg ggc agt ctc atc cac gta aaa gca ggg cag  240
Ile Pro Asn His Pro Gly Gly Ser Leu Ile His Val Lys Ala Gly Gln
65                  70                  75                  80

gat tcc act cag ctt ttc gat tcc tat cac ccc ctt tat gtc agg aaa  288
Asp Ser Thr Gln Leu Phe Asp Ser Tyr His Pro Leu Tyr Val Arg Lys
                85                  90                  95

atg ctc gcg aag tac tgt att ggg gaa tta gta ccg tct gct ggt gat  336
Met Leu Ala Lys Tyr Cys Ile Gly Glu Leu Val Pro Ser Ala Gly Asp
            100                 105                 110
```

```
gac aag ttt aag aaa gca act ctg gag tat gca gat gcc gaa aat gaa      384
Asp Lys Phe Lys Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Ala Asp Ala Glu Asn Glu
        115                 120                 125

gat ttc tat ttg gtt gtg aag caa cga gtt gaa tct tat ttc aag agt      432
Asp Phe Tyr Leu Val Val Lys Gln Arg Val Glu Ser Tyr Phe Lys Ser
    130                 135                 140

aac aag ata aac ccc caa att cat cca cat atg atc ctg aag tca ttg      480
Asn Lys Ile Asn Pro Gln Ile His Pro His Met Ile Leu Lys Ser Leu
145                 150                 155                 160

ttc att ctt ggg gga tat ttc gcc agt tac tat tta gcg ttc ttc tgg      528
Phe Ile Leu Gly Gly Tyr Phe Ala Ser Tyr Tyr Leu Ala Phe Phe Trp
                165                 170                 175

tct tca agt gtc ctt gtt tct ttg ttt ttc gca ttg tgg atg ggg ttc      576
Ser Ser Ser Val Leu Val Ser Leu Phe Phe Ala Leu Trp Met Gly Phe
            180                 185                 190

ttc gca gcg gaa gtc ggc gtg tcg att caa cat gat gga aat cat ggt      624
Phe Ala Ala Glu Val Gly Val Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly
        195                 200                 205

tca tac act aaa tgg cgt ggc ttt gga tat atc atg gga gcc tcc cta      672
Ser Tyr Thr Lys Trp Arg Gly Phe Gly Tyr Ile Met Gly Ala Ser Leu
    210                 215                 220

gat cta gtc gga gcc agt agc ttc atg tgg aga cag caa cac gtt gtg      720
Asp Leu Val Gly Ala Ser Ser Phe Met Trp Arg Gln Gln His Val Val
225                 230                 235                 240

gga cat cac tcg ttt aca aat gtg gac aac tac gat cct gat att cgt      768
Gly His His Ser Phe Thr Asn Val Asp Asn Tyr Asp Pro Asp Ile Arg
                245                 250                 255

gtg aaa gat cca gat gtc agg agg gtt gcg acc aca caa cca aga caa      816
Val Lys Asp Pro Asp Val Arg Arg Val Ala Thr Thr Gln Pro Arg Gln
            260                 265                 270

tgg tat cat gcg tat cag cat atc tac ctg gca gta tta tat gga act      864
Trp Tyr His Ala Tyr Gln His Ile Tyr Leu Ala Val Leu Tyr Gly Thr
        275                 280                 285

cta gct ctt aag agt att ttt cta gat gat ttc ctt gcg tac ttc aca      912
Leu Ala Leu Lys Ser Ile Phe Leu Asp Asp Phe Leu Ala Tyr Phe Thr
    290                 295                 300

gga tca att ggc cct gtc aag gtg gcg aaa atg acc ccc ctg gag ttc      960
Gly Ser Ile Gly Pro Val Lys Val Ala Lys Met Thr Pro Leu Glu Phe
305                 310                 315                 320

aac atc ttc ttt cag gga aag ctg cta tat gcg ttc tac atg ttc gtg     1008
Asn Ile Phe Phe Gln Gly Lys Leu Leu Tyr Ala Phe Tyr Met Phe Val
                325                 330                 335

ttg cca tct gtg tac ggt gtt cac tcc gga gga act ttc ttg gca cta     1056
Leu Pro Ser Val Tyr Gly Val His Ser Gly Gly Thr Phe Leu Ala Leu
            340                 345                 350

tat gtg gct tct cag ctc att aca ggt tgg atg tta gct ttt ctt ttt     1104
Tyr Val Ala Ser Gln Leu Ile Thr Gly Trp Met Leu Ala Phe Leu Phe
        355                 360                 365

caa gta gca cat gtc gtg gat gat gtt gca ttt cct aca cca gaa ggt     1152
Gln Val Ala His Val Val Asp Asp Val Ala Phe Pro Thr Pro Glu Gly
    370                 375                 380
```

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

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

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

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

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

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

tga                                                                 1443
```

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

<400> 10

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ser Ser Ser Val Leu Val Ser Leu Phe Phe Ala Leu Trp Met Gly Phe
            180                 185                 190

Phe Ala Ala Glu Val Gly Val Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly
        195                 200                 205

Ser Tyr Thr Lys Trp Arg Gly Phe Gly Tyr Ile Met Gly Ala Ser Leu
    210                 215                 220

Asp Leu Val Gly Ala Ser Ser Phe Met Trp Arg Gln Gln His Val Val
225                 230                 235                 240

Gly His His Ser Phe Thr Asn Val Asp Asn Tyr Asp Pro Asp Ile Arg
                245                 250                 255

Val Lys Asp Pro Asp Val Arg Arg Val Ala Thr Thr Gln Pro Arg Gln
            260                 265                 270

Trp Tyr His Ala Tyr Gln His Ile Tyr Leu Ala Val Leu Tyr Gly Thr
        275                 280                 285

Leu Ala Leu Lys Ser Ile Phe Leu Asp Asp Phe Leu Ala Tyr Phe Thr
    290                 295                 300

Gly Ser Ile Gly Pro Val Lys Val Ala Lys Met Thr Pro Leu Glu Phe
305                 310                 315                 320

Asn Ile Phe Phe Gln Gly Lys Leu Leu Tyr Ala Phe Tyr Met Phe Val
                325                 330                 335

Leu Pro Ser Val Tyr Gly Val His Ser Gly Gly Thr Phe Leu Ala Leu
            340                 345                 350

Tyr Val Ala Ser Gln Leu Ile Thr Gly Trp Met Leu Ala Phe Leu Phe
        355                 360                 365

Gln Val Ala His Val Val Asp Asp Val Ala Phe Pro Thr Pro Glu Gly
    370                 375                 380

Gly Lys Val Lys Gly Gly Trp Ala Ala Met Gln Val Ala Thr Thr Thr
385                 390                 395                 400

Asp Phe Ser Pro Arg Ser Trp Phe Trp Gly His Val Ser Gly Gly Leu
                405                 410                 415
```

```
Asn Asn Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Val Cys His Val His
            420                 425                 430

Tyr Pro Ala Ile Gln Pro Ile Val Glu Lys Thr Cys Lys Glu Phe Asp
        435                 440                 445

Val Pro Tyr Val Ala Tyr Pro Thr Phe Trp Thr Ala Leu Arg Ala His
    450                 455                 460

Phe Ala His Leu Lys Lys Val Gly Leu Thr Glu Phe Arg Leu Asp Gly
465                 470                 475                 480
```

<210> 11
<211> 1320
<212> ADN
<213> *Thraustrochytrium*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1320)
<223>

<400> 11

```
atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc       48
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
1               5                   10                  15

gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg       96
Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
            20                  25                  30

tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc      144
Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
        35                  40                  45

ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag      192
Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
    50                  55                  60

ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg      240
Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
65                  70                  75                  80

aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag      288
Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
                85                  90                  95

gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag      336
Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
            100                 105                 110

ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac      384
Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
        115                 120                 125

cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg      432
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
    130                 135                 140

tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc      480
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly
```

```
145                 150                 155                 160

att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg      528
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly
                165                 170                 175

tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc      576
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
            180                 185                 190

tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac      624
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
        195                 200                 205

agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc      672
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
    210                 215                 220

aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc      720
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val
225                 230                 235                 240

aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc      768
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu
                245                 250                 255

ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac      816
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr
            260                 265                 270

ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc      864
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val
        275                 280                 285

tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc      912
Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
    290                 295                 300

ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc      960
Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
305                 310                 315                 320

ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac     1008
Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
                325                 330                 335

ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg     1056
Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
            340                 345                 350

gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg     1104
Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
        355                 360                 365

tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg     1152
Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
    370                 375                 380

gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc     1200
Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu
385                 390                 395                 400

ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg     1248
Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
                405                 410                 415

gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc     1296
Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
```

```
                420                 425                 430

gcc gac acc aag aag cag gac tga                                    1320
Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
        435
```

<210> 12
<211> 439
<212> PRT
<213> *Thraustrochytrium*

<400> 12

```
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
1               5                   10                  15

Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
            20                  25                  30

Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
        35                  40                  45

Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
    50                  55                  60

Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
65                  70                  75                  80

Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
                85                  90                  95

Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
            100                 105                 110

Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
        115                 120                 125

Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
    130                 135                 140

Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly
145                 150                 155                 160

Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly
                165                 170                 175

Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
            180                 185                 190

Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
        195                 200                 205

Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
    210                 215                 220
```

```
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val
225                 230                 235                 240

Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu
                245                 250                 255

Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr
            260                 265                 270

Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val
        275                 280                 285

Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
    290                 295                 300

Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
305                 310                 315                 320

Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
                325                 330                 335

Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
            340                 345                 350

Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
        355                 360                 365

Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
    370                 375                 380

Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu
385                 390                 395                 400

Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
                405                 410                 415

Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
            420                 425                 430

Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
        435
```

<210> 13
<211> 1341
<212> ADN
<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1341)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 13

```
atg gga acg gac caa gga aaa acc ttc acc tgg gaa gag ctg gcg gcc        48
Met Gly Thr Asp Gln Gly Lys Thr Phe Thr Trp Glu Glu Leu Ala Ala
1               5                  10                  15

cat aac acc aag gac gac cta ctc ttg gcc atc cgc ggc agg gtg tac        96
His Asn Thr Lys Asp Asp Leu Leu Leu Ala Ile Arg Gly Arg Val Tyr
            20                  25                  30

gat gtc aca aag ttc ttg agc cgc cat cct ggt gga gtg gac act ctc       144
Asp Val Thr Lys Phe Leu Ser Arg His Pro Gly Gly Val Asp Thr Leu
        35                  40                  45

ctg ctc gga gct ggc cga gat gtt act ccg gtc ttt gag atg tat cac       192
Leu Leu Gly Ala Gly Arg Asp Val Thr Pro Val Phe Glu Met Tyr His
    50                  55                  60

gcg ttt ggg gct gca gat gcc att atg aag aag tac tat gtc ggt aca       240
Ala Phe Gly Ala Ala Asp Ala Ile Met Lys Lys Tyr Tyr Val Gly Thr
65                  70                  75                  80

ctg gtc tcg aat gag ctg ccc atc ttc ccg gag cca acg gtg ttc cac       288
Leu Val Ser Asn Glu Leu Pro Ile Phe Pro Glu Pro Thr Val Phe His
                85                  90                  95

aaa acc atc aag acg aga gtc gag ggc tac ttt acg gat cgg aac att       336
Lys Thr Ile Lys Thr Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Asp Arg Asn Ile
            100                 105                 110

gat ccc aag aat aga cca gag atc tgg gga cga tac gct ctt atc ttt       384
Asp Pro Lys Asn Arg Pro Glu Ile Trp Gly Arg Tyr Ala Leu Ile Phe
        115                 120                 125

gga tcc ttg atc gct tcc tac tac gcg cag ctc ttt gtg cct ttc gtt       432
Gly Ser Leu Ile Ala Ser Tyr Tyr Ala Gln Leu Phe Val Pro Phe Val
    130                 135                 140

gtc gaa cgc aca tgg ctt cag gtg gtg ttt gca atc atc atg gga ttt       480
Val Glu Arg Thr Trp Leu Gln Val Val Phe Ala Ile Ile Met Gly Phe
145                 150                 155                 160

gcg tgc gca caa gtc gga ctc aac cct ctt cat gat gcg tct cac ttt       528
Ala Cys Ala Gln Val Gly Leu Asn Pro Leu His Asp Ala Ser His Phe
                165                 170                 175

tca gtg acc cac aac ccc act gtc tgg aag att ctg gga gcc acg cac       576
Ser Val Thr His Asn Pro Thr Val Trp Lys Ile Leu Gly Ala Thr His
            180                 185                 190

gac ttt ttc aac gga gca tcg tac ctg gtg tgg atg tac caa cat atg       624
Asp Phe Phe Asn Gly Ala Ser Tyr Leu Val Trp Met Tyr Gln His Met
        195                 200                 205

ctc ggc cat cac ccc tac acc aac att gct gga gca gat ccc gac gtg       672
Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Ile Ala Gly Ala Asp Pro Asp Val
    210                 215                 220

tcg acg tct gag ccc gat gtt cgt cgt atc aag ccc aac caa aag tgg       720
Ser Thr Ser Glu Pro Asp Val Arg Arg Ile Lys Pro Asn Gln Lys Trp
225                 230                 235                 240

ttt gtc aac cac atc aac cag cac atg ttt gtt cct ttc ctg tac gga       768
Phe Val Asn His Ile Asn Gln His Met Phe Val Pro Phe Leu Tyr Gly
                245                 250                 255

ctg ctg gcg ttc aag gtg cgc att cag gac atc aac att ttg tac ttt       816
Leu Leu Ala Phe Lys Val Arg Ile Gln Asp Ile Asn Ile Leu Tyr Phe
```

```
            260                 265                 270

gtc aag acc aat gac gct att cgt gtc aat ccc atc tcg aca tgg cac      864
Val Lys Thr Asn Asp Ala Ile Arg Val Asn Pro Ile Ser Thr Trp His
        275                 280                 285

act gtg atg ttc tgg ggc ggc aag gct ttc ttt gtc tgg tat cgc ctg      912
Thr Val Met Phe Trp Gly Gly Lys Ala Phe Phe Val Trp Tyr Arg Leu
    290                 295                 300

att gtt ccc ctg cag tat ctg ccc ctg ggc aag gtg ctg ctc ttg ttc      960
Ile Val Pro Leu Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Lys Val Leu Leu Leu Phe
305                 310                 315                 320

acg gtc gcg gac atg gtg tcg tct tac tgg ctg gcg ctg acc ttc cag      1008
Thr Val Ala Asp Met Val Ser Ser Tyr Trp Leu Ala Leu Thr Phe Gln
                325                 330                 335

gcg aac cac gtt gtt gag gaa gtt cag tgg ccg ttg cct gac gag aac      1056
Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn
            340                 345                 350

ggg atc atc caa aag gac tgg gca gct atg cag gtc gag act acg cag      1104
Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln
        355                 360                 365

gat tac gca cac gat tcg cac ctc tgg acc agc atc act ggc agc ttg      1152
Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu
    370                 375                 380

aac tac cag gct gtg cac cat ctg ttc ccc aac gtg tcg cag cac cat      1200
Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His
385                 390                 395                 400

tat ccc gat att ctg gcc atc atc aag aac acc tgc agc gag tac aag      1248
Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asn Thr Cys Ser Glu Tyr Lys
                405                 410                 415

gtt cca tac ctt gtc aag gat acg ttt tgg caa gca ttt gct tca cat      1296
Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His
            420                 425                 430

ttg gag cac ttg cgt gtt ctt gga ctc cgt ccc aag gaa gag tag          1341
Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu
        435                 440                 445
```

<210> 14
<211> 446
<212> PRT
<213> *Mortierella alpina*

<400> 14

```
Met Gly Thr Asp Gln Gly Lys Thr Phe Thr Trp Glu Glu Leu Ala Ala
1               5                   10                  15

His Asn Thr Lys Asp Asp Leu Leu Leu Ala Ile Arg Gly Arg Val Tyr
            20                  25                  30

Asp Val Thr Lys Phe Leu Ser Arg His Pro Gly Gly Val Asp Thr Leu
        35                  40                  45

Leu Leu Gly Ala Gly Arg Asp Val Thr Pro Val Phe Glu Met Tyr His
    50                  55                  60
```

```
Ala Phe Gly Ala Ala Asp Ala Ile Met Lys Lys Tyr Tyr Val Gly Thr
65                  70                  75                  80

Leu Val Ser Asn Glu Leu Pro Ile Phe Pro Glu Pro Thr Val Phe His
                85                  90                  95

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

Asp Pro Lys Asn Arg Pro Glu Ile Trp Gly Arg Tyr Ala Leu Ile Phe
        115                 120                 125

Gly Ser Leu Ile Ala Ser Tyr Tyr Ala Gln Leu Phe Val Pro Phe Val
    130                 135                 140

Val Glu Arg Thr Trp Leu Gln Val Val Phe Ala Ile Ile Met Gly Phe
145                 150                 155                 160

Ala Cys Ala Gln Val Gly Leu Asn Pro Leu His Asp Ala Ser His Phe
                165                 170                 175

Ser Val Thr His Asn Pro Thr Val Trp Lys Ile Leu Gly Ala Thr His
            180                 185                 190

Asp Phe Phe Asn Gly Ala Ser Tyr Leu Val Trp Met Tyr Gln His Met
        195                 200                 205

Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Ile Ala Gly Ala Asp Pro Asp Val
    210                 215                 220

Ser Thr Ser Glu Pro Asp Val Arg Arg Ile Lys Pro Asn Gln Lys Trp
225                 230                 235                 240

Phe Val Asn His Ile Asn Gln His Met Phe Val Pro Phe Leu Tyr Gly
                245                 250                 255

Leu Leu Ala Phe Lys Val Arg Ile Gln Asp Ile Asn Ile Leu Tyr Phe
            260                 265                 270

Val Lys Thr Asn Asp Ala Ile Arg Val Asn Pro Ile Ser Thr Trp His
        275                 280                 285

Thr Val Met Phe Trp Gly Gly Lys Ala Phe Phe Val Trp Tyr Arg Leu
    290                 295                 300

Ile Val Pro Leu Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Lys Val Leu Leu Leu Phe
305                 310                 315                 320

Thr Val Ala Asp Met Val Ser Ser Tyr Trp Leu Ala Leu Thr Phe Gln
                325                 330                 335
```

```
Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn
                340                 345                 350

Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln
            355                 360                 365

Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu
        370                 375                 380

Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His
385                 390                 395                 400

Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asn Thr Cys Ser Glu Tyr Lys
                405                 410                 415

Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His
            420                 425                 430

Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu
        435                 440                 445
```

<210> 15
<211> 1344
<212> ADN
<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>

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

<400> 15

```
atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat      48
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1               5                   10                  15

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt      96
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
            20                  25                  30

ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc     144
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
        35                  40                  45

cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa     192
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
    50                  55                  60

ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag     240
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
65                  70                  75                  80

gat gac cca atc aaa gga att gat gac gtg aac atg gga act ttc aat     288
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
                85                  90                  95

att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta     336
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
```

```
                100                 105                 110

cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc      384
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe
        115                 120                 125

tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc      432
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
    130                 135                 140

tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga      480
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
145                 150                 155                 160

gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat      528
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
                165                 170                 175

cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt      576
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
            180                 185                 190

gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac      624
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
        195                 200                 205

aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt      672
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
    210                 215                 220

gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat      720
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
225                 230                 235                 240

tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat      768
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
                245                 250                 255

tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca      816
Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
            260                 265                 270

atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga      864
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
        275                 280                 285

aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg      912
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
    290                 295                 300

tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg      960
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305                 310                 315                 320

ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta     1008
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
                325                 330                 335

gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac     1056
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
            340                 345                 350

atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg     1104
Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
        355                 360                 365

aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag     1152
Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
```

```
    370                 375                 380

att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act      1200
Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385                 390                 395                 400

gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac      1248
Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
                405                 410                 415

atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc      1296
Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
            420                 425                 430

cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag      1344
Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
        435                 440                 445
```

<210> 16
<211> 447
<212> PRT
<213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 16

```
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1               5                   10                  15

Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
            20                  25                  30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
        35                  40                  45

His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
    50                  55                  60

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 17
<211> 1683
<212> ADN

<213> *Borago officinalis*

<220>
<221> CDS
<222> (42)..(1388)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 17

```
tatctgccta ccctcccaaa gagagtagtc atttttcatc a atg gct gct caa atc      56
                                              Met Ala Ala Gln Ile
                                              1               5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga      104
Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly
            10                  15                  20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg      152
Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp
        25                  30                  35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt      200
Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu Lys Ser Leu Ala Gly
    40                  45                  50

caa gag gta act gat gca ttt gtt gca ttc cat cct gcc tct aca tgg      248
Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His Pro Ala Ser Thr Trp
55                  60                  65

aag aat ctt gat aag ttt ttc act ggg tat tat ctt aaa gat tac tct      296
Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr Leu Lys Asp Tyr Ser
70                  75                  80                  85

gtt tct gag gtt tct aaa gat tat agg aag ctt gtg ttt gag ttt tct      344
Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu Val Phe Glu Phe Ser
            90                  95                  100

aaa atg ggt ttg tat gac aaa aaa ggt cat att atg ttt gca act ttg      392
Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile Met Phe Ala Thr Leu
        105                 110                 115

tgc ttt ata gca atg ctg ttt gct atg agt gtt tat ggg gtt ttg ttt      440
Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val Tyr Gly Val Leu Phe
    120                 125                 130

tgt gag ggt gtt ttg gta cat ttg ttt tct ggg tgt ttg atg ggg ttt      488
Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly Cys Leu Met Gly Phe
135                 140                 145

ctt tgg att cag agt ggt tgg att gga cat gat gct ggg cat tat atg      536
Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp Ala Gly His Tyr Met
150                 155                 160                 165

gta gtg tct gat tca agg ctt aat aag ttt atg ggt att ttt gct gca      584
Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met Gly Ile Phe Ala Ala
            170                 175                 180

aat tgt ctt tca gga ata agt att ggt tgg tgg aaa tgg aac cat aat      632
Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn
        185                 190                 195

gca cat cac att gcc tgt aat agc ctt gaa tat gac cct gat tta caa      680
Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln
```

```
        200                 205                 210

tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc      720
Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr
    215                 220                 225

tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc      776
Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe
230                 235                 240                 245

ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct      824
Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala
                250                 255                 260

agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga      872
Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg
            265                 270                 275

aat gtg tcc tat cga gct cag gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg      920
Asn Val Ser Tyr Arg Ala Gln Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser
        280                 285                 290

att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga      968
Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg
    295                 300                 305

att atg ttt gtt att gca agt tta tca gtg act gga atg caa caa gtt     1016
Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val
310                 315                 320                 325

cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct     1064
Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro
                330                 335                 340

aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att     1112
Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile
            345                 350                 355

tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa     1160
Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln
        360                 365                 370

att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa     1208
Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys
    375                 380                 385

atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac     1256
Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr
390                 395                 400                 405

aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg     1304
Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu
                410                 415                 420

agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag     1352
Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys
            425                 430                 435

aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattacccct          1398
Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
        440                 445

agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgttt gtgtcttgtc ttggttctac   1458

ttgttggagt cattgcaact tgtcttttat ggtttattag atgtttttta atatatttta   1518

gaggttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcatattgt caattgttgt   1578
```

gctcaatatc tgatattttg gaatgtactt tgtaccactg tgttttcagt tgaagctcat 1638

gtgtacttct atagactttg tttaaatggt tatgtcatgt tattt 1683

<210> 18
<211> 448
<212> PRT
<213> *Borago officinalis*

<400> 18

Met Ala Ala Gln Ile Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn
1 5 10 15

His Asp Lys Pro Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr
20 25 30

Asp Val Ser Asp Trp Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu
35 40 45

Lys Ser Leu Ala Gly Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His
50 55 60

Pro Ala Ser Thr Trp Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr
65 70 75 80

Leu Lys Asp Tyr Ser Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu
85 90 95

Val Phe Glu Phe Ser Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile
100 105 110

Met Phe Ala Thr Leu Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val
115 120 125

Tyr Gly Val Leu Phe Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly
130 135 140

Cys Leu Met Gly Phe Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp
145 150 155 160

Ala Gly His Tyr Met Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met
165 170 175

Gly Ile Phe Ala Ala Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp
180 185 190

Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr
195 200 205

Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe
210 215 220

```
Phe Gly Ser Leu Thr Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp
225                 230                 235                 240

Ser Leu Ser Arg Phe Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro
                245                 250                 255

Ile Met Cys Ala Ala Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met
            260                 265                 270

Leu Leu Thr Lys Arg Asn Val Ser Tyr Arg Ala Gln Glu Leu Leu Gly
        275                 280                 285

Cys Leu Val Phe Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro
    290                 295                 300

Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr
305                 310                 315                 320

Gly Met Gln Gln Val Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val
                325                 330                 335

Tyr Val Gly Lys Pro Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp
            340                 345                 350

Gly Thr Leu Asp Ile Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly
        355                 360                 365

Gly Leu Gln Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg
    370                 375                 380

Cys Asn Leu Arg Lys Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys
385                 390                 395                 400

His Asn Leu Pro Tyr Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met
                405                 410                 415

Thr Leu Arg Thr Leu Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr
            420                 425                 430

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
        435                 440                 445
```

<210> 19
<211> 1563
<212> ADN
<213> *Ceratodon purpureus*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1563)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 19

```
atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac        48
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1               5                  10                  15

att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta        96
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
            20                  25                  30

aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc       144
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
        35                  40                  45

gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg       192
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
    50                  55                  60

gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct       240
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65                  70                  75                  80

caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag       288
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
                85                  90                  95

ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag       336
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
            100                 105                 110

gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc       384
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
        115                 120                 125

gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga       432
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
    130                 135                 140

gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag       480
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145                 150                 155                 160

att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act       528
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
                165                 170                 175

ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga       576
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
            180                 185                 190

gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc       624
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
        195                 200                 205

ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac       672
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
    210                 215                 220

aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt       720
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225                 230                 235                 240

att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta       768
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
                245                 250                 255

ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac       816
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
            260                 265                 270
```

```
gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg      864
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
        275                 280                 285

cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat      912
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
    290                 295                 300

gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg      960
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305                 310                 315                 320

gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac     1008
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His
                325                 330                 335

cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt     1056
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
            340                 345                 350

tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag     1104
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys
        355                 360                 365

ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt     1152
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
    370                 375                 380

gtt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg     1200
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
385                 390                 395                 400

gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc     1248
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
                405                 410                 415

agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat     1296
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
            420                 425                 430

gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat     1344
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
        435                 440                 445

tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca     1392
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
    450                 455                 460

acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act     1440
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
465                 470                 475                 480

ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg     1488
Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
                485                 490                 495

ggc act tac cgg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct     1536
Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
            500                 505                 510

tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga                                1563
Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
        515                 520
```

<210> 20
<211> 520
<212> PRT
<213> *Ceratodon purpureus*

<400> 20

```
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1               5                  10                  15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
            20                  25                  30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
        35                  40                  45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
    50                  55                  60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65                  70                  75                  80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
                85                  90                  95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
            100                 105                 110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
        115                 120                 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
    130                 135                 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145                 150                 155                 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
                165                 170                 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
            180                 185                 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
        195                 200                 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
    210                 215                 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225                 230                 235                 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
                245                 250                 255
```

```
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
            260                 265                 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
        275                 280                 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
    290                 295                 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305                 310                 315                 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His
                325                 330                 335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
            340                 345                 350

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

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
    370                 375                 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
385                 390                 395                 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
                405                 410                 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
            420                 425                 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
        435                 440                 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
    450                 455                 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
465                 470                 475                 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
                485                 490                 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
            500                 505                 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
        515                 520
```

<210> 21
<211> 1434
<212> ADN
<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1434)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 21

```
atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct        48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
1               5                  10                  15

cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac        96
Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
            20                  25                  30

gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac       144
Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
        35                  40                  45

gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg       192
Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
    50                  55                  60

acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg       240
Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
65                  70                  75                  80

aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag       288
Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
                85                  90                  95

ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa       336
Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
            100                 105                 110

ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac       384
Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
        115                 120                 125

aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc       432
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val
    130                 135                 140

ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg       480
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
145                 150                 155                 160

gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac       528
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
                165                 170                 175

cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt       576
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
            180                 185                 190

tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag       624
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
        195                 200                 205

cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc       672
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
    210                 215                 220
```

```
gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg      720
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
225                 230                 235                 240

tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag      768
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
                245                 250                 255

gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac      816
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
            260                 265                 270

ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc      864
Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
        275                 280                 285

aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct ctc gaa      912
Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
    290                 295                 300

ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc      960
Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
305                 310                 315                 320

ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc     1008
Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
                325                 330                 335

ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc     1056
Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
            340                 345                 350

tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg     1104
Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
        355                 360                 365

gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc     1152
Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
    370                 375                 380

acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt     1200
Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
385                 390                 395                 400

gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta     1248
Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
                405                 410                 415

ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc     1296
Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
            420                 425                 430

gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt     1344
Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
        435                 440                 445

gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc     1392
Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
    450                 455                 460

gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa              1434
Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
465                 470                 475
```

<210> 22
<211> 477
<212> PRT
<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 22

```
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
1               5                  10                  15

Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
            20                  25                  30

Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
        35                  40                  45

Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
    50                  55                  60

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
65                  70                  75                  80

Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
                85                  90                  95

Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
            100                 105                 110

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
        115                 120                 125

Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val
    130                 135                 140

Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
145                 150                 155                 160

Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
                165                 170                 175

His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
            180                 185                 190

Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
        195                 200                 205

His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
    210                 215                 220

Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
225                 230                 235                 240

Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
                245                 250                 255
```

```
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
            260                 265                 270

Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
        275                 280                 285

Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
    290                 295                 300

Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
305                 310                 315                 320

Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
                325                 330                 335

Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
            340                 345                 350

Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
        355                 360                 365

Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
    370                 375                 380

Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
385                 390                 395                 400

Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
                405                 410                 415

Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
            420                 425                 430

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
        435                 440                 445

Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
    450                 455                 460

Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
465                 470                 475
```

<210> 23
<211> 1578
<212> ADN
<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1578)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 23

```
atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac        48
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1               5                  10                  15

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc        96
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
            20                  25                  30

agt tat gtg tct tca act gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa       144
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
        35                  40                  45

cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc       192
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
    50                  55                  60

gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga       240
Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65                  70                  75                  80

act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg       288
Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
                85                  90                  95

tca tct cag tgg aag aag tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta       336
Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
            100                 105                 110

cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat       384
His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
        115                 120                 125

gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt       432
Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
    130                 135                 140

act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca       480
Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145                 150                 155                 160

gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag       528
Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
                165                 170                 175

agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga       576
Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
            180                 185                 190

gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat       624
Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
        195                 200                 205

gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca       672
Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
    210                 215                 220

ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt       720
Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225                 230                 235                 240

atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt       768
Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
                245                 250                 255

ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg       816
Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
            260                 265                 270
```

```
tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag      864
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
        275                 280                 285

gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act      912
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
    290                 295                 300

tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg      960
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305                 310                 315                 320

agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc     1008
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
                325                 330                 335

ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt     1056
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
            340                 345                 350

ggt agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc     1104
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
        355                 360                 365

tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac     1152
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
    370                 375                 380

ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca     1200
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385                 390                 395                 400

tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc     1248
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
                405                 410                 415

ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct     1296
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
            420                 425                 430

aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga     1344
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
        435                 440                 445

aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag     1392
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
    450                 455                 460

cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca     1440
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465                 470                 475                 480

cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac     1488
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
                485                 490                 495

gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa     1536
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
            500                 505                 510

gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa             1578
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
        515                 520                 525
```

<210> 24
<211> 525
<212> PRT
<213> *Physcomitrella patens*

<400> 24

```
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1               5                  10                  15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
            20                  25                  30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
        35                  40                  45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
    50                  55                  60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65                  70                  75                  80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
                85                  90                  95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
            100                 105                 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
        115                 120                 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
    130                 135                 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145                 150                 155                 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
                165                 170                 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
            180                 185                 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
        195                 200                 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
    210                 215                 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225                 230                 235                 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
                245                 250                 255
```

```
Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
            260                 265                 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
        275                 280                 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
    290                 295                 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305                 310                 315                 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
                325                 330                 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
            340                 345                 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
        355                 360                 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
    370                 375                 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385                 390                 395                 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
                405                 410                 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
            420                 425                 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
        435                 440                 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
    450                 455                 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465                 470                 475                 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
                485                 490                 495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
            500                 505                 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
        515                 520                 525
```

<210> 25
<211> 1332
<212> ADN
<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1332)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 25

```
atg gtc gtc gac aag aat gcc tcc ggg ctt cga atg aag gtc gat ggc        48
Met Val Val Asp Lys Asn Ala Ser Gly Leu Arg Met Lys Val Asp Gly
1               5                  10                  15

aaa tgg ctc tac ctt agc gag gaa ttg gtg aag aaa cat cca gga gga        96
Lys Trp Leu Tyr Leu Ser Glu Glu Leu Val Lys Lys His Pro Gly Gly
            20                  25                  30

gct gtt att gaa caa tat aga aat tcg gat gct act cat att ttc cac       144
Ala Val Ile Glu Gln Tyr Arg Asn Ser Asp Ala Thr His Ile Phe His
        35                  40                  45

gct ttc cac gaa gga tct tct cag gct tat aag caa ctt gac ctt ctg       192
Ala Phe His Glu Gly Ser Ser Gln Ala Tyr Lys Gln Leu Asp Leu Leu
    50                  55                  60

aaa aag cac gga gag cac gat gaa ttc ctt gag aaa caa ttg gaa aag       240
Lys Lys His Gly Glu His Asp Glu Phe Leu Glu Lys Gln Leu Glu Lys
65                  70                  75                  80

aga ctt gac aaa gtt gat atc aat gta tca gca tat gat gtc agt gtt       288
Arg Leu Asp Lys Val Asp Ile Asn Val Ser Ala Tyr Asp Val Ser Val
                85                  90                  95

gca caa gaa aag aaa atg gtt gaa tca ttc gaa aaa cta cga cag aag       336
Ala Gln Glu Lys Lys Met Val Glu Ser Phe Glu Lys Leu Arg Gln Lys
            100                 105                 110

ctt cat gat gat gga tta atg aaa gca aat gaa aca tat ttc ctg ttt       384
Leu His Asp Asp Gly Leu Met Lys Ala Asn Glu Thr Tyr Phe Leu Phe
        115                 120                 125

aaa gcg att tca aca ctt tca att atg gca ttt gca ttt tat ctt cag       432
Lys Ala Ile Ser Thr Leu Ser Ile Met Ala Phe Ala Phe Tyr Leu Gln
    130                 135                 140

tat ctt gga tgg tat att act tct gca tgt tta tta gca ctt gca tgg       480
Tyr Leu Gly Trp Tyr Ile Thr Ser Ala Cys Leu Leu Ala Leu Ala Trp
145                 150                 155                 160

caa caa ttc gga tgg tta aca cat gag ttc tgc cat caa cag cca aca       528
Gln Gln Phe Gly Trp Leu Thr His Glu Phe Cys His Gln Gln Pro Thr
                165                 170                 175

aag aac aga cct ttg aat gat act att tct ttg ttc ttt ggt aat ttc       576
Lys Asn Arg Pro Leu Asn Asp Thr Ile Ser Leu Phe Phe Gly Asn Phe
            180                 185                 190

tta caa gga ttt tca aga gat tgg tgg aag gac aag cat aac act cat       624
Leu Gln Gly Phe Ser Arg Asp Trp Trp Lys Asp Lys His Asn Thr His
        195                 200                 205

cac gct gcc aca aat gta att gat cat gac ggt gat atc gac ttg gca       672
His Ala Ala Thr Asn Val Ile Asp His Asp Gly Asp Ile Asp Leu Ala
    210                 215                 220
```

```
cca ctt ttc gca ttt att cca gga gat ttg tgc aag tat aag gcc agc      720
Pro Leu Phe Ala Phe Ile Pro Gly Asp Leu Cys Lys Tyr Lys Ala Ser
225                 230                 235                 240

ttt gaa aaa gca att ctc aag att gta cca tat caa cat ctc tat ttc      768
Phe Glu Lys Ala Ile Leu Lys Ile Val Pro Tyr Gln His Leu Tyr Phe
                245                 250                 255

acc gca atg ctt cca atg ctc cgt ttc tca tgg act ggt cag tca gtt      816
Thr Ala Met Leu Pro Met Leu Arg Phe Ser Trp Thr Gly Gln Ser Val
            260                 265                 270

caa tgg gta ttc aaa gag aat caa atg gag tac aag gtc tat caa aga      864
Gln Trp Val Phe Lys Glu Asn Gln Met Glu Tyr Lys Val Tyr Gln Arg
        275                 280                 285

aat gca ttc tgg gag caa gca aca att gtt gga cat tgg gct tgg gta      912
Asn Ala Phe Trp Glu Gln Ala Thr Ile Val Gly His Trp Ala Trp Val
    290                 295                 300

ttc tat caa ttg ttc tta tta cca aca tgg cca ctt cgg gtt gct tat      960
Phe Tyr Gln Leu Phe Leu Leu Pro Thr Trp Pro Leu Arg Val Ala Tyr
305                 310                 315                 320

ttc att att tca caa atg gga gga ggc ctt ttg att gct cac gta gtc     1008
Phe Ile Ile Ser Gln Met Gly Gly Gly Leu Leu Ile Ala His Val Val
                325                 330                 335

act ttc aac cat aac tct gtt gat aag tat cca gcc aat tct cga att     1056
Thr Phe Asn His Asn Ser Val Asp Lys Tyr Pro Ala Asn Ser Arg Ile
            340                 345                 350

tta aac aac ttc gcc gct ctt caa att ttg acc aca cgc aac atg act     1104
Leu Asn Asn Phe Ala Ala Leu Gln Ile Leu Thr Thr Arg Asn Met Thr
        355                 360                 365

cca tct cca ttc att gat tgg ctt tgg ggt gga ctc aat tat cag atc     1152
Pro Ser Pro Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile
    370                 375                 380

gag cac cac ttg ttc cca aca atg cca cgt tgc aac ctg aat gct tgc     1200
Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg Cys Asn Leu Asn Ala Cys
385                 390                 395                 400

gtg aaa tat gtg aaa gaa tgg tgc aaa gag aat aat ctt cct tac ctc     1248
Val Lys Tyr Val Lys Glu Trp Cys Lys Glu Asn Asn Leu Pro Tyr Leu
                405                 410                 415

gtc gat gac tac ttt gac gga tat gca atg aat ttg caa caa ttg aaa     1296
Val Asp Asp Tyr Phe Asp Gly Tyr Ala Met Asn Leu Gln Gln Leu Lys
            420                 425                 430

aat atg gct gag cac att caa gct aaa gct gcc taa                     1332
Asn Met Ala Glu His Ile Gln Ala Lys Ala Ala
        435                 440
```

<210> 26
<211> 443
<212> PRT
<213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 26

```
Met Val Val Asp Lys Asn Ala Ser Gly Leu Arg Met Lys Val Asp Gly
1               5                   10                  15
```

```
Lys Trp Leu Tyr Leu Ser Glu Glu Leu Val Lys Lys His Pro Gly Gly
            20                  25                  30

Ala Val Ile Glu Gln Tyr Arg Asn Ser Asp Ala Thr His Ile Phe His
        35                  40                  45

Ala Phe His Glu Gly Ser Ser Gln Ala Tyr Lys Gln Leu Asp Leu Leu
    50                  55                  60

Lys Lys His Gly Glu His Asp Glu Phe Leu Glu Lys Gln Leu Glu Lys
65                  70                  75                  80

Arg Leu Asp Lys Val Asp Ile Asn Val Ser Ala Tyr Asp Val Ser Val
                85                  90                  95

Ala Gln Glu Lys Lys Met Val Glu Ser Phe Glu Lys Leu Arg Gln Lys
            100                 105                 110

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

Lys Ala Ile Ser Thr Leu Ser Ile Met Ala Phe Ala Phe Tyr Leu Gln
    130                 135                 140

Tyr Leu Gly Trp Tyr Ile Thr Ser Ala Cys Leu Leu Ala Leu Ala Trp
145                 150                 155                 160

Gln Gln Phe Gly Trp Leu Thr His Glu Phe Cys His Gln Gln Pro Thr
                165                 170                 175

Lys Asn Arg Pro Leu Asn Asp Thr Ile Ser Leu Phe Phe Gly Asn Phe
            180                 185                 190

Leu Gln Gly Phe Ser Arg Asp Trp Trp Lys Asp Lys His Asn Thr His
        195                 200                 205

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

Pro Leu Phe Ala Phe Ile Pro Gly Asp Leu Cys Lys Tyr Lys Ala Ser
225                 230                 235                 240

Phe Glu Lys Ala Ile Leu Lys Ile Val Pro Tyr Gln His Leu Tyr Phe
                245                 250                 255

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

Gln Trp Val Phe Lys Glu Asn Gln Met Glu Tyr Lys Val Tyr Gln Arg
        275                 280                 285
```

```
Asn Ala Phe Trp Glu Gln Ala Thr Ile Val Gly His Trp Ala Trp Val
    290                 295                 300

Phe Tyr Gln Leu Phe Leu Leu Pro Thr Trp Pro Leu Arg Val Ala Tyr
305                 310                 315                 320

Phe Ile Ile Ser Gln Met Gly Gly Gly Leu Leu Ile Ala His Val Val
                325                 330                 335

Thr Phe Asn His Asn Ser Val Asp Lys Tyr Pro Ala Asn Ser Arg Ile
            340                 345                 350

Leu Asn Asn Phe Ala Ala Leu Gln Ile Leu Thr Thr Arg Asn Met Thr
        355                 360                 365

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

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

Val Lys Tyr Val Lys Glu Trp Cys Lys Glu Asn Asn Leu Pro Tyr Leu
                405                 410                 415

Val Asp Asp Tyr Phe Asp Gly Tyr Ala Met Asn Leu Gln Gln Leu Lys
            420                 425                 430

Asn Met Ala Glu His Ile Gln Ala Lys Ala Ala
        435                 440
```

<210> 27
<211> 873
<212> ADN
<213> *Physcomitrella patens*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(873)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 27

```
atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg      48
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1               5                   10                  15

cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat      96
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
            20                  25                  30

acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc     144
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
        35                  40                  45

gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg     192
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
    50                  55                  60
```

```
tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg      240
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65                  70                  75                  80

ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt      288
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
                85                  90                  95

ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac      336
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
            100                 105                 110

tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att      384
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
        115                 120                 125

ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc      432
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
    130                 135                 140

gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac      480
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145                 150                 155                 160

gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat      528
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
                165                 170                 175

cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga      576
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
            180                 185                 190

gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga      624
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
        195                 200                 205

agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg      672
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
    210                 215                 220

aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac      720
Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225                 230                 235                 240

tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att      768
Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
                245                 250                 255

ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac      816
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
            260                 265                 270

gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa      864
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
        275                 280                 285

act gag tga                                                         873
Thr Glu
    290
```

<210> 28
<211> 290
<212> PRT
<213> *Physcomitrella patens*

<400> 28

```
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1               5                  10                  15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
            20                  25                  30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
        35                  40                  45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
    50                  55                  60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65                  70                  75                  80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
                85                  90                  95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
            100                 105                 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
        115                 120                 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
    130                 135                 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145                 150                 155                 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
                165                 170                 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
            180                 185                 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
        195                 200                 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
    210                 215                 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
                245                 250                 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
            260                 265                 270
```

```
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
        275                 280                 285

Thr Glu
    290
```

<210> 29
<211> 1049
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium*

<220>
<221> CDS
<222> (43)..(858)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 29

```
gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg      54
                                               Met Met Glu Pro
                                               1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc    102
Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser
5                   10                  15                  20

tcg gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc    150
Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe
                25                  30                  35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc    198
Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser
            40                  45                  50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac    246
Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn
        55                  60                  65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc    294
Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu
    70                  75                  80

tgc ctc ttc tcg ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc    342
Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile
85                  90                  95                  100

cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc    390
Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu
                105                 110                 115

aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag    438
Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys
            120                 125                 130

atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag    486
Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys
        135                 140                 145

ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac    534
Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr
    150                 155                 160

gcc atc gac cac atc ttt ctc tcg tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc    582
Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val
165                 170                 175                 180
```

```
aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc      630
Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe
                185                 190                 195

ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc      678
Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe
            200                 205                 210

att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc      726
Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys
        215                 220                 225

gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt      774
Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu
    230                 235                 240

ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag      822
Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln
245                 250                 255                 260

tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaca           868
Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
                265                 270

gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat    928

catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa    988

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa   1048

c                                                                   1049
```

<210> 30
<211> 271
<212> PRT
<213> *Thraustochytrium*

<400> 30

```
Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala
1               5                  10                  15

Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala
            20                  25                  30

Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu
        35                  40                  45

Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr
    50                  55                  60

Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His
65                  70                  75                  80

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser
                85                  90                  95

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr
            100                 105                 110
```

```
Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe
        115                 120                 125

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val
    130                 135                 140

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr
145                 150                 155                 160

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr
                165                 170                 175

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr
            180                 185                 190

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln
        195                 200                 205

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp
    210                 215                 220

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val
225                 230                 235                 240

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe
                245                 250                 255

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
            260                 265                 270
```

<210> 31
<211> 837
<212> ADN
<213> *Phytophthora infestans*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(837)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 31

```
atg tcg act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg      48
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
1               5                   10                  15

gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg      96
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
            20                  25                  30

cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc     144
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
        35                  40                  45

atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg     192
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
    50                  55                  60
```

```
aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac      240
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
65                  70                  75                  80

aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc      288
Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala
                85                  90                  95

atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt      336
Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe
            100                 105                 110

aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc      384
Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
        115                 120                 125

tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag      432
Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
    130                 135                 140

aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg      480
Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
145                 150                 155                 160

ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca      528
Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
                165                 170                 175

tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act      576
Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
            180                 185                 190

tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac      624
Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
        195                 200                 205

ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc      672
Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
    210                 215                 220

tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg      720
Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
225                 230                 235                 240

ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat      768
Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
                245                 250                 255

ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag      816
Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
            260                 265                 270

gaa tcg aag aag aag ttg taa                                         837
Glu Ser Lys Lys Lys Leu
        275
```

<210> 32
<211> 278
<212> PRT
<213> *Phytophthora infestans*

<400> 32

```
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
1               5                   10                  15
```

```
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
            20                  25                  30

His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
        35                  40                  45

Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
    50                  55                  60

Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
65                  70                  75                  80

Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala
                85                  90                  95

Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe
            100                 105                 110

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
        115                 120                 125

Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
    130                 135                 140

Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
145                 150                 155                 160

Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
                165                 170                 175

Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
            180                 185                 190

Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
        195                 200                 205

Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
    210                 215                 220

Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
225                 230                 235                 240

Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
                245                 250                 255

Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
            260                 265                 270

Glu Ser Lys Lys Lys Leu
        275
```

<210> 33
<211> 954
<212> ADN
<213> *Mortierella alpina*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(954)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 33

```
atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc        48
Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
1               5                  10                  15

ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc        96
Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
            20                  25                  30

acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct       144
Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
        35                  40                  45

ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc       192
Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
    50                  55                  60

gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag       240
Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
65                  70                  75                  80

ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc       288
Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
                85                  90                  95

gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc       336
Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
            100                 105                 110

aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag       384
Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
        115                 120                 125

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag       432
Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
    130                 135                 140

ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc       480
Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145                 150                 155                 160

ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag       528
Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
                165                 170                 175

ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg       576
Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
            180                 185                 190

act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt       624
Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
        195                 200                 205

gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag       672
Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
    210                 215                 220
```

```
ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc      720
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225                 230                 235                 240

gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt      768
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
                245                 250                 255

acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc      816
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
            260                 265                 270

ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag      864
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
        275                 280                 285

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc      912
Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
    290                 295                 300

ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa              954
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305                 310                 315
```

<210> 34
<211> 317
<212> PRT
<213> *Mortierella alpina*

<400> 34

```
Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
1               5                   10                  15

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
            20                  25                  30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
        35                  40                  45

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
    50                  55                  60

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
65                  70                  75                  80

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
                85                  90                  95

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
            100                 105                 110

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
        115                 120                 125

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
    130                 135                 140
```

```
Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145                 150                 155                 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
                165                 170                 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
            180                 185                 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
        195                 200                 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
    210                 215                 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225                 230                 235                 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
                245                 250                 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
            260                 265                 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
        275                 280                 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
    290                 295                 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305                 310                 315
```

<210> 35
<211> 957
<212> ADN
<213> *Mortierella alpina*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(957)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 35

```
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg      48
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1               5                   10                  15

ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc      96
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
            20                  25                  30

gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc     144
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
        35                  40                  45
```

```
acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct      192
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
    50                  55                  60

ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc      240
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65                  70                  75                  80

gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag      288
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
                85                  90                  95

aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt      336
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
            100                 105                 110

tgt ctg gtc tcg atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag      384
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
        115                 120                 125

gct tat cag gcc aac tat gga ctg ttt gag aac gct gct gat cat acc      432
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
    130                 135                 140

ttc aag ggt ctt cct atg gcc aag atg atc tgg ctc ttc tac ttc tcc      480
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145                 150                 155                 160

aag atc atg gag ttt gtc gac acc atg atc atg gtc ctc aag aag aac      528
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
                165                 170                 175

aac cgc cag atc tcc ttc ttg cac gtt tac cac cac agc tcc atc ttc      576
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
            180                 185                 190

acc atc tgg tgg ttg gtc acc ttt gtt gca ccc aac ggt gaa gcc tac      624
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
        195                 200                 205

ttc tct gct gcg ttg aac tcg ttc atc cat gtg atc atg tac ggc tac      672
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
    210                 215                 220

tac ttc ttg tcg gcc ttg ggc ttc aag cag gtg tcg ttc atc aag ttc      720
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225                 230                 235                 240

tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag      768
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
                245                 250                 255

tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac      816
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
            260                 265                 270

ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc      864
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
        275                 280                 285

ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag      912
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
    290                 295                 300

gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa          957
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305                 310                 315
```

<210> 36
<211> 318
<212> PRT

<213> *Nortierella alpina*

<400> 36

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

Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
            20                  25                  30

Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
        35                  40                  45

Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
    50                  55                  60

Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65                  70                  75                  80

Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
                85                  90                  95

Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
            100                 105                 110

Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
        115                 120                 125

Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
    130                 135                 140

Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145                 150                 155                 160

Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
                165                 170                 175

Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
            180                 185                 190

Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
        195                 200                 205

Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
    210                 215                 220

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225                 230                 235                 240
```

```
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
                245                 250                 255

Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
            260                 265                 270

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
        275                 280                 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
    290                 295                 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305                 310                 315
```

<210> 37
<211> 867
<212> ADN
<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(867)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 37

```
atg gct cag cat ccg ctc gtt caa cgg ctt ctc gat gtc aaa ttc gac   48
Met Ala Gln His Pro Leu Val Gln Arg Leu Leu Asp Val Lys Phe Asp
1               5                   10                  15

acg aaa cga ttt gtg gct att gct act cat ggg cca aag aat ttc cct   96
Thr Lys Arg Phe Val Ala Ile Ala Thr His Gly Pro Lys Asn Phe Pro
            20                  25                  30

gac gca gaa ggt cgc aag ttc ttt gct gat cac ttt gat gtt act att  144
Asp Ala Glu Gly Arg Lys Phe Phe Ala Asp His Phe Asp Val Thr Ile
        35                  40                  45

cag gct tca atc ctg tac atg gtc gtt gtg ttc gga aca aaa tgg ttc  192
Gln Ala Ser Ile Leu Tyr Met Val Val Val Phe Gly Thr Lys Trp Phe
    50                  55                  60

atg cgt aat cgt caa cca ttc caa ttg act att cca ctc aac atc tgg  240
Met Arg Asn Arg Gln Pro Phe Gln Leu Thr Ile Pro Leu Asn Ile Trp
65                  70                  75                  80

aat ttc atc ctc gcc gca ttt tcc atc gca gga gct gtc aaa atg acc  288
Asn Phe Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Ala Gly Ala Val Lys Met Thr
                85                  90                  95

cca gag ttc ttt gga acc att gcc aac aaa gga att gtc gca tcc tac  336
Pro Glu Phe Phe Gly Thr Ile Ala Asn Lys Gly Ile Val Ala Ser Tyr
            100                 105                 110

tgc aaa gtg ttt gat ttc acg aaa gga gag aat gga tac tgg gtg tgg  384
Cys Lys Val Phe Asp Phe Thr Lys Gly Glu Asn Gly Tyr Trp Val Trp
        115                 120                 125

ctc ttc atg gct tcc aaa ctt ttc gaa ctt gtt gac acc atc ttc ttg  432
Leu Phe Met Ala Ser Lys Leu Phe Glu Leu Val Asp Thr Ile Phe Leu
    130                 135                 140
```

```
gtt ctc cgt aaa cgt cca ctc atg ttc ctt cac tgg tat cac cat att      480
Val Leu Arg Lys Arg Pro Leu Met Phe Leu His Trp Tyr His His Ile
145                 150                 155                 160

ctc acc atg atc tac gcc tgg tac tct cat cca ttg acc cca gga ttc      528
Leu Thr Met Ile Tyr Ala Trp Tyr Ser His Pro Leu Thr Pro Gly Phe
                165                 170                 175

aac aga tac gga att tat ctt aac ttt gtc gtc cac gcc ttc atg tac      576
Asn Arg Tyr Gly Ile Tyr Leu Asn Phe Val Val His Ala Phe Met Tyr
            180                 185                 190

tct tac tac ttc ctt cgc tcg atg aag att cgc gtg cca gga ttc atc      624
Ser Tyr Tyr Phe Leu Arg Ser Met Lys Ile Arg Val Pro Gly Phe Ile
        195                 200                 205

gcc caa gct atc aca tct ctt caa atc gtt caa ttc atc atc tct tgc      672
Ala Gln Ala Ile Thr Ser Leu Gln Ile Val Gln Phe Ile Ile Ser Cys
    210                 215                 220

gcc gtt ctt gct cat ctt ggt tat ctc atg cac ttc acc aat gcc aac      720
Ala Val Leu Ala His Leu Gly Tyr Leu Met His Phe Thr Asn Ala Asn
225                 230                 235                 240

tgt gat ttc gag cca tca gta ttc aag ctc gca gtt ttc atg gac aca      768
Cys Asp Phe Glu Pro Ser Val Phe Lys Leu Ala Val Phe Met Asp Thr
                245                 250                 255

aca tac ttg gct ctt ttc gtc aac ttc ttc ctc caa tca tat gtt ctc      816
Thr Tyr Leu Ala Leu Phe Val Asn Phe Phe Leu Gln Ser Tyr Val Leu
            260                 265                 270

cgc gga gga aaa gac aag tac aag gca gtg cca aag aag aag aac aac      864
Arg Gly Gly Lys Asp Lys Tyr Lys Ala Val Pro Lys Lys Lys Asn Asn
        275                 280                 285

taa                                                                 867
```

<210> 38
<211> 288
<212> PRT
<213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 38

```
Met Ala Gln His Pro Leu Val Gln Arg Leu Leu Asp Val Lys Phe Asp
1               5                   10                  15

Thr Lys Arg Phe Val Ala Ile Ala Thr His Gly Pro Lys Asn Phe Pro
            20                  25                  30

Asp Ala Glu Gly Arg Lys Phe Phe Ala Asp His Phe Asp Val Thr Ile
        35                  40                  45

Gln Ala Ser Ile Leu Tyr Met Val Val Val Phe Gly Thr Lys Trp Phe
    50                  55                  60

Met Arg Asn Arg Gln Pro Phe Gln Leu Thr Ile Pro Leu Asn Ile Trp
65                  70                  75                  80

Asn Phe Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Ala Gly Ala Val Lys Met Thr
                85                  90                  95
```

```
Pro Glu Phe Phe Gly Thr Ile Ala Asn Lys Gly Ile Val Ala Ser Tyr
            100                 105                 110

Cys Lys Val Phe Asp Phe Thr Lys Gly Glu Asn Gly Tyr Trp Val Trp
        115                 120                 125

Leu Phe Met Ala Ser Lys Leu Phe Glu Leu Val Asp Thr Ile Phe Leu
    130                 135                 140

Val Leu Arg Lys Arg Pro Leu Met Phe Leu His Trp Tyr His His Ile
145                 150                 155                 160

Leu Thr Met Ile Tyr Ala Trp Tyr Ser His Pro Leu Thr Pro Gly Phe
                165                 170                 175

Asn Arg Tyr Gly Ile Tyr Leu Asn Phe Val Val His Ala Phe Met Tyr
            180                 185                 190

Ser Tyr Tyr Phe Leu Arg Ser Met Lys Ile Arg Val Pro Gly Phe Ile
        195                 200                 205

Ala Gln Ala Ile Thr Ser Leu Gln Ile Val Gln Phe Ile Ile Ser Cys
    210                 215                 220

Ala Val Leu Ala His Leu Gly Tyr Leu Met His Phe Thr Asn Ala Asn
225                 230                 235                 240

Cys Asp Phe Glu Pro Ser Val Phe Lys Leu Ala Val Phe Met Asp Thr
                245                 250                 255

Thr Tyr Leu Ala Leu Phe Val Asn Phe Phe Leu Gln Ser Tyr Val Leu
            260                 265                 270

Arg Gly Gly Lys Asp Lys Tyr Lys Ala Val Pro Lys Lys Lys Asn Asn
        275                 280                 285
```

<210> 39
<211> 1626
<212> ADN
<213> *Euglena, gracilis*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1626)
<223> Delta-4-Desaturasa

<400> 39

```
atg ttg gtg ctg ttt ggc aat ttc tat gtc aag caa tac tcc caa aag      48
Met Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Lys Gln Tyr Ser Gln Lys
1               5                   10                  15

aac ggc aag ccg gag aac gga gcc acc cct gag aac gga gcg aag ccg      96
Asn Gly Lys Pro Glu Asn Gly Ala Thr Pro Glu Asn Gly Ala Lys Pro
```

```
            20                  25                  30

caa cct tgc gag aac ggc acg gtg gaa aag cga gag aat gac acc gcc      144
Gln Pro Cys Glu Asn Gly Thr Val Glu Lys Arg Glu Asn Asp Thr Ala
        35                  40                  45

aac gtt cgg ccc acc cgt cca gct gga ccc ccg ccg gcc acg tac tac      192
Asn Val Arg Pro Thr Arg Pro Ala Gly Pro Pro Pro Ala Thr Tyr Tyr
    50                  55                  60

gac tcc ctg gca gtg tcg ggg cag ggc aag gag cgg ctg ttc acc acc      240
Asp Ser Leu Ala Val Ser Gly Gln Gly Lys Glu Arg Leu Phe Thr Thr
65                  70                  75                  80

gat gag gtg agg cgg cac atc ctc ccc acc gat ggc tgg ctg acg tgc      288
Asp Glu Val Arg Arg His Ile Leu Pro Thr Asp Gly Trp Leu Thr Cys
                85                  90                  95

cac gaa gga gtc tac gat gtc act gat ttc ctt gcc aag cac cct ggt      336
His Glu Gly Val Tyr Asp Val Thr Asp Phe Leu Ala Lys His Pro Gly
            100                 105                 110

ggc ggt gtc atc acg ctg ggc ctt gga agg gac tgc aca atc ctc atc      384
Gly Gly Val Ile Thr Leu Gly Leu Gly Arg Asp Cys Thr Ile Leu Ile
        115                 120                 125

gag tca tac cac cct gct ggg cgc ccg gac aag gtg atg gag aag tac      432
Glu Ser Tyr His Pro Ala Gly Arg Pro Asp Lys Val Met Glu Lys Tyr
    130                 135                 140

cgc att ggt acg ctg cag gac ccc aag acg ttc tat gct tgg gga gag      480
Arg Ile Gly Thr Leu Gln Asp Pro Lys Thr Phe Tyr Ala Trp Gly Glu
145                 150                 155                 160

tcc gat ttc tac cct gag ttg aag cgc cgg gcc ctt gca agg ctg aag      528
Ser Asp Phe Tyr Pro Glu Leu Lys Arg Arg Ala Leu Ala Arg Leu Lys
                165                 170                 175

gag gct ggt cag gcg cgg cgc ggc ggc ctt ggg gtg aag gcc ctc ctg      576
Glu Ala Gly Gln Ala Arg Arg Gly Gly Leu Gly Val Lys Ala Leu Leu
            180                 185                 190

gtg ctc acc ctc ttc ttc gtg tcg tgg tac atg tgg gtg gcc cac aag      624
Val Leu Thr Leu Phe Phe Val Ser Trp Tyr Met Trp Val Ala His Lys
        195                 200                 205

tcc ttc ctc tgg gcc gcc gtc tgg ggc ttc gcc ggc tcc cac gtc ggg      672
Ser Phe Leu Trp Ala Ala Val Trp Gly Phe Ala Gly Ser His Val Gly
    210                 215                 220

ctg agc atc cag cac gat ggc aac cac ggc gcg ttc agc cgc aac aca      720
Leu Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ser Arg Asn Thr
225                 230                 235                 240

ctg gtg aac cgc ctg gcg ggg tgg ggc atg gac ttg atc ggc gcg tcg      768
Leu Val Asn Arg Leu Ala Gly Trp Gly Met Asp Leu Ile Gly Ala Ser
                245                 250                 255

tcc acg gtg tgg gag tac cag cac gtc atc ggc cac cac cag tac acc      816
Ser Thr Val Trp Glu Tyr Gln His Val Ile Gly His His Gln Tyr Thr
            260                 265                 270

aac ctc gtg tcg gac acg cta ttc agt ctg cct gag aac gat ccg gac      864
Asn Leu Val Ser Asp Thr Leu Phe Ser Leu Pro Glu Asn Asp Pro Asp
        275                 280                 285

gtc ttc tcc agc tac ccg ctg atg cgc atg cac ccg gat acg gcg tgg      912
Val Phe Ser Ser Tyr Pro Leu Met Arg Met His Pro Asp Thr Ala Trp
```

```
    290                 295                 300

cag ccg cac cac cgc ttc cag cac ctg ttc gcg ttc cca ctg ttc gcc      960
Gln Pro His His Arg Phe Gln His Leu Phe Ala Phe Pro Leu Phe Ala
305                 310                 315                 320

ctg atg aca atc agc aag gtg ctg acc agc gat ttc gct gtc tgc ctc     1008
Leu Met Thr Ile Ser Lys Val Leu Thr Ser Asp Phe Ala Val Cys Leu
                325                 330                 335

agc atg aag aag ggg tcc atc gac tgc tcc tcc agg ctc gtc cca ctg     1056
Ser Met Lys Lys Gly Ser Ile Asp Cys Ser Ser Arg Leu Val Pro Leu
            340                 345                 350

gag ggg cag ctg ctg ttc tgg ggg gcc aag ctg gcg aac ttc ctg ttg     1104
Glu Gly Gln Leu Leu Phe Trp Gly Ala Lys Leu Ala Asn Phe Leu Leu
        355                 360                 365

cag att gtg ttg cca tgc tac ctc cac ggg aca gct atg ggc ctg gcc     1152
Gln Ile Val Leu Pro Cys Tyr Leu His Gly Thr Ala Met Gly Leu Ala
    370                 375                 380

ctc ttc tct gtt gct cac ctt gtg tcg ggg gag tac ctc gcg atc tgc     1200
Leu Phe Ser Val Ala His Leu Val Ser Gly Glu Tyr Leu Ala Ile Cys
385                 390                 395                 400

ttc atc atc aac cac atc agc gag tct tgt gag ttt atg aat aca agc     1248
Phe Ile Ile Asn His Ile Ser Glu Ser Cys Glu Phe Met Asn Thr Ser
                405                 410                 415

ttt caa acc gcc gcc cgg agg aca gag atg ctt cag gca gca cat cag     1296
Phe Gln Thr Ala Ala Arg Arg Thr Glu Met Leu Gln Ala Ala His Gln
            420                 425                 430

gca gcg gag gcc aag aag gtg aag ccc acc cct cca ccg aac gat tgg     1344
Ala Ala Glu Ala Lys Lys Val Lys Pro Thr Pro Pro Pro Asn Asp Trp
        435                 440                 445

gct gtg aca cag gtc caa tgc tgc gtg aat tgg aga tca ggt ggc gtg     1392
Ala Val Thr Gln Val Gln Cys Cys Val Asn Trp Arg Ser Gly Gly Val
    450                 455                 460

ttg gcc aat cac ctc tct gga ggc ttg aac cac cag atc gag cat cat     1440
Leu Ala Asn His Leu Ser Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His
465                 470                 475                 480

ctg ttc ccc agc atc tcg cat gcc aac tac ccc acc atc gcc cct gtt     1488
Leu Phe Pro Ser Ile Ser His Ala Asn Tyr Pro Thr Ile Ala Pro Val
                485                 490                 495

gtg aag gag gtg tgc gag gag tac ggg ttg ccg tac aag aat tac gtc     1536
Val Lys Glu Val Cys Glu Glu Tyr Gly Leu Pro Tyr Lys Asn Tyr Val
            500                 505                 510

acg ttc tgg gat gca gtc tgt ggc atg gtt cag cac ctc cgg ttg atg     1584
Thr Phe Trp Asp Ala Val Cys Gly Met Val Gln His Leu Arg Leu Met
        515                 520                 525

ggt gct cca ccg gtg cca acg aac ggg gac aaa aag tca taa             1626
Gly Ala Pro Pro Val Pro Thr Asn Gly Asp Lys Lys Ser
    530                 535                 540
```

<210> 40
<211> 541
<212> PRT
<213> *Euglena gracilis*

<400> 40

```
Met Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Lys Gln Tyr Ser Gln Lys
1               5                  10                  15

Asn Gly Lys Pro Glu Asn Gly Ala Thr Pro Glu Asn Gly Ala Lys Pro
            20                  25                  30

Gln Pro Cys Glu Asn Gly Thr Val Glu Lys Arg Glu Asn Asp Thr Ala
        35                  40                  45

Asn Val Arg Pro Thr Arg Pro Ala Gly Pro Pro Pro Ala Thr Tyr Tyr
    50                  55                  60

Asp Ser Leu Ala Val Ser Gly Gln Gly Lys Glu Arg Leu Phe Thr Thr
65                  70                  75                  80

Asp Glu Val Arg Arg His Ile Leu Pro Thr Asp Gly Trp Leu Thr Cys
                85                  90                  95

His Glu Gly Val Tyr Asp Val Thr Asp Phe Leu Ala Lys His Pro Gly
            100                 105                 110

Gly Gly Val Ile Thr Leu Gly Leu Gly Arg Asp Cys Thr Ile Leu Ile
        115                 120                 125

Glu Ser Tyr His Pro Ala Gly Arg Pro Asp Lys Val Met Glu Lys Tyr
    130                 135                 140

Arg Ile Gly Thr Leu Gln Asp Pro Lys Thr Phe Tyr Ala Trp Gly Glu
145                 150                 155                 160

Ser Asp Phe Tyr Pro Glu Leu Lys Arg Arg Ala Leu Ala Arg Leu Lys
                165                 170                 175

Glu Ala Gly Gln Ala Arg Arg Gly Gly Leu Gly Val Lys Ala Leu Leu
            180                 185                 190

Val Leu Thr Leu Phe Phe Val Ser Trp Tyr Met Trp Val Ala His Lys
        195                 200                 205

Ser Phe Leu Trp Ala Ala Val Trp Gly Phe Ala Gly Ser His Val Gly
    210                 215                 220

Leu Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ser Arg Asn Thr
225                 230                 235                 240

Leu Val Asn Arg Leu Ala Gly Trp Gly Met Asp Leu Ile Gly Ala Ser
                245                 250                 255

Ser Thr Val Trp Glu Tyr Gln His Val Ile Gly His His Gln Tyr Thr
            260                 265                 270
```

```
Asn Leu Val Ser Asp Thr Leu Phe Ser Leu Pro Glu Asn Asp Pro Asp
        275                 280                 285

Val Phe Ser Ser Tyr Pro Leu Met Arg Met His Pro Asp Thr Ala Trp
    290                 295                 300

Gln Pro His His Arg Phe Gln His Leu Phe Ala Phe Pro Leu Phe Ala
305                 310                 315                 320

Leu Met Thr Ile Ser Lys Val Leu Thr Ser Asp Phe Ala Val Cys Leu
                325                 330                 335

Ser Met Lys Lys Gly Ser Ile Asp Cys Ser Ser Arg Leu Val Pro Leu
            340                 345                 350

Glu Gly Gln Leu Leu Phe Trp Gly Ala Lys Leu Ala Asn Phe Leu Leu
        355                 360                 365

Gln Ile Val Leu Pro Cys Tyr Leu His Gly Thr Ala Met Gly Leu Ala
    370                 375                 380

Leu Phe Ser Val Ala His Leu Val Ser Gly Glu Tyr Leu Ala Ile Cys
385                 390                 395                 400

Phe Ile Ile Asn His Ile Ser Glu Ser Cys Glu Phe Met Asn Thr Ser
                405                 410                 415

Phe Gln Thr Ala Ala Arg Arg Thr Glu Met Leu Gln Ala Ala His Gln
            420                 425                 430

Ala Ala Glu Ala Lys Lys Val Lys Pro Thr Pro Pro Pro Asn Asp Trp
        435                 440                 445

Ala Val Thr Gln Val Gln Cys Cys Val Asn Trp Arg Ser Gly Gly Val
    450                 455                 460

Leu Ala Asn His Leu Ser Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His
465                 470                 475                 480

Leu Phe Pro Ser Ile Ser His Ala Asn Tyr Pro Thr Ile Ala Pro Val
                485                 490                 495

Val Lys Glu Val Cys Glu Glu Tyr Gly Leu Pro Tyr Lys Asn Tyr Val
            500                 505                 510

Thr Phe Trp Asp Ala Val Cys Gly Met Val Gln His Leu Arg Leu Met
        515                 520                 525

Gly Ala Pro Pro Val Pro Thr Asn Gly Asp Lys Lys Ser
    530                 535                 540
```

<210> 41
<211> 1548
<212> ADN

<213> *Thraustochytrium*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1548)
<223> Delta-4-Desaturasa

<400> 41

```
atg acg gtc ggg ttt gac gaa acg gtg act atg gac acg gtc cgc aac        48
Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
1               5                  10                  15

cac aac atg ccg gac gac gcc tgg tgc gcg atc cac ggc acc gtg tac        96
His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr
            20                  25                  30

gac atc acc aag ttc agc aag gtg cac ccc ggc ggg gac atc atc atg       144
Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met
        35                  40                  45

ctg gcc gct ggc aag gag gcc acc atc ctg ttc gag acc tac cac atc       192
Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile
    50                  55                  60

aag ggc gtc ccg gac gcg gtg ctg cgc aag tac aag gtc ggc aag ctc       240
Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu
65                  70                  75                  80

ccc cag ggc aag aag ggc gaa acg agc cac atg ccc acc ggg ctc gac       288
Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp
                85                  90                  95

tcg gcc tcc tac tac tcg tgg gac agc gag ttt tac agg gtg ctc cgc       336
Ser Ala Ser Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg
            100                 105                 110

gag cgc gtc gcc aag aag ctg gcc gag ccc ggc ctc atg cag cgc gcg       384
Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala
        115                 120                 125

cgc atg gag ctc tgg gcc aag gcg atc ttc ctc ctg gca ggt ttc tgg       432
Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp
    130                 135                 140

ggc tcc ctt tac gcc atg tgc gtg cta gac ccg cac ggc ggt gcc atg       480
Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met
145                 150                 155                 160

gta gcc gcc gtt acg ctc ggc gtg ttc gct gcc ttt gtc gga act tgc       528
Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys
                165                 170                 175

atc cag cac gac ggc agc cac ggc gcc ttc tcc aag tcg cga ttc atg       576
Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met
            180                 185                 190

aac aag gcg gcg ggc tgg acc ctc gac atg atc ggc gcg agt gcg atg       624
Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met
        195                 200                 205

acc tgg gag atg cag cac gtt ctt ggc cac cac ccg tac acc aac ctc       672
Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu
```

```
    210                 215                 220

atc gag atg gag aac ggt ttg gcc aag gtc aag ggc gcc gac gtc gac      720
Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp
225                 230                 235                 240

ccg aag aag gtc gac cag gag agc gac ccg gac gtc ttc agt acg tac      768
Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr
                245                 250                 255

ccg atg ctt cgc ctg cac ccg tgg cac cgc cag cgg ttt tac cac aag      816
Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys
            260                 265                 270

ttc cag cac ctg tac gcc ccg ttt atc ttt ggg tct atg acg att aac      864
Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Ser Met Thr Ile Asn
        275                 280                 285

aag gtg att tcc cag gat gtc ggg gtt gtg ctg cgc aag cgc ctg ttc      912
Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe
    290                 295                 300

cag atc gac gcc aac tgc cgg tat ggc agc ccc tgg tac gtg gcc cgc      960
Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg
305                 310                 315                 320

ttc tgg atc atg aag ctc ctc acc acg ctc tac atg gtg gcg ctt ccc     1008
Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Met Val Ala Leu Pro
                325                 330                 335

atg tac atg cag ggg cct gct cag ggc ttg aag ctt ttc ttc atg gcc     1056
Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala
            340                 345                 350

cac ttc acc tgc gga gag gtc ctc gcc acc atg ttt att gtc aac cac     1104
His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
        355                 360                 365

atc atc gag ggc gtc agc tac gct tcc aag gac gcg gtc aag ggc gtc     1152
Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val
    370                 375                 380

atg gct ccg ccg cgc act gtg cac ggt gtc acc ccg atg cag gtg acg     1200
Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr
385                 390                 395                 400

caa aag gcg ctc agt gcg gcc gag tcg gcc aag tcg gac gcc gac aag     1248
Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Ala Lys Ser Asp Ala Asp Lys
                405                 410                 415

acg acc atg atc ccc ctc aac gac tgg gcc gct gtg cag tgc cag acc     1296
Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr
            420                 425                 430

tct gtg aac tgg gct gtc ggg tcg tgg ttt tgg aac cac ttt tcg ggc     1344
Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly
        435                 440                 445

ggc ctc aac cac cag att gag cac cac tgc ttc ccc caa aac ccc cac     1392
Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His
    450                 455                 460

acg gtc aac gtc tac atc tcg ggc atc gtc aag gag acc tgc gaa gaa     1440
Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu
465                 470                 475                 480

tac ggc gtg ccg tac cag gct gag atc agc ctc ttc cct gcc tat ttc     1488
Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe
```

```
                    485                 490                 495

aag atg ctg tcg cac ctc cgc acg ctc ggc aac gag gac ctc acg gcc     1536
Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala
            500                 505                 510

tgg tcc acg tga                                                  1548
Trp Ser Thr
        515
```

<210> 42
<211> 515
<212> PRT
<213> *Thraustochytrium*

<400> 42

```
Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
1               5                  10                  15

His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr
            20                  25                  30

Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met
        35                  40                  45

Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile
    50                  55                  60

Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu
65                  70                  75                  80

Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp
                85                  90                  95

Ser Ala Ser Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg
            100                 105                 110

Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala
        115                 120                 125

Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp
    130                 135                 140

Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met
145                 150                 155                 160

Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys
                165                 170                 175

Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met
            180                 185                 190

Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met
        195                 200                 205
```

```
Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu
    210                 215                 220

Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp
225                 230                 235                 240

Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr
                245                 250                 255

Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys
            260                 265                 270

Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Ser Met Thr Ile Asn
        275                 280                 285

Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe
    290                 295                 300

Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg
305                 310                 315                 320

Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Met Val Ala Leu Pro
                325                 330                 335

Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala
            340                 345                 350

His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
        355                 360                 365

Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val
    370                 375                 380

Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr
385                 390                 395                 400

Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Ala Lys Ser Asp Ala Asp Lys
                405                 410                 415

Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr
            420                 425                 430

Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly
        435                 440                 445

Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His
    450                 455                 460

Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu
465                 470                 475                 480
```

```
Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe
                485                 490                 495

Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala
            500                 505                 510

Trp Ser Thr
        515
```

<210> 43
<211> 960
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(960)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 43

```
atg gtg ttg tac aat gtg gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg      48
Met Val Leu Tyr Asn Val Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val
1               5                   10                  15

tat gcg att gtg gat gcg gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga      96
Tyr Ala Ile Val Asp Ala Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly
            20                  25                  30

agt aga agt ttg gtt ggg gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg     144
Ser Arg Ser Leu Val Gly Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala
        35                  40                  45

gtg tgg gtt cat tat tgt gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat     192
Val Trp Val His Tyr Cys Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr
    50                  55                  60

ttt atg gtg ttg agg ggg aaa atg gac cag atg gta ctc ggt gaa gtt     240
Phe Met Val Leu Arg Gly Lys Met Asp Gln Met Val Leu Gly Glu Val
65                  70                  75                  80

ggt ggc agt gtg tgg tgt ggc gtt gga tat atg gat atg gag aag atg     288
Gly Gly Ser Val Trp Cys Gly Val Gly Tyr Met Asp Met Glu Lys Met
                85                  90                  95

ata cta ctc agc ttt gga gtg cat cgg tct gct cag gga acg ggg aag     336
Ile Leu Leu Ser Phe Gly Val His Arg Ser Ala Gln Gly Thr Gly Lys
            100                 105                 110

gct ttc acc aac aac gtt acc aat cca cat ctc acg ctt cca cct cat     384
Ala Phe Thr Asn Asn Val Thr Asn Pro His Leu Thr Leu Pro Pro His
        115                 120                 125

tct aca aaa aca aaa aaa cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac     432
Ser Thr Lys Thr Lys Lys Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His
    130                 135                 140

acg acc ata gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt     480
Thr Thr Ile Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly
145                 150                 155                 160

gga gac att tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc     528
Gly Asp Ile Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu
```

```
                    165                 170                 175

atg tat tcc tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg      576
Met Tyr Ser Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp
            180                 185                 190

aaa cga tac ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg      624
Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val
        195                 200                 205

gtt tat acg ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat      672
Val Tyr Thr Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His
    210                 215                 220

gga gcg gat gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt      720
Gly Ala Asp Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys
225                 230                 235                 240

gga gtg cag gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc      768
Gly Val Gln Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile
                245                 250                 255

ttt tat aaa cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat      816
Phe Tyr Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp
            260                 265                 270

agc aag aag aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct      864
Ser Lys Lys Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala
        275                 280                 285

atg aag gat ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg      912
Met Lys Asp Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala
    290                 295                 300

aag gat gct gga aag ttg gtg gct acg aga gta agg tgt aag gtg taa      960
Lys Asp Ala Gly Lys Leu Val Ala Thr Arg Val Arg Cys Lys Val
305                 310                 315
```

<210> 44
<211> 319
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 44

```
Met Val Leu Tyr Asn Val Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val
1               5                   10                  15

Tyr Ala Ile Val Asp Ala Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly
            20                  25                  30

Ser Arg Ser Leu Val Gly Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala
        35                  40                  45

Val Trp Val His Tyr Cys Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr
    50                  55                  60

Phe Met Val Leu Arg Gly Lys Met Asp Gln Met Val Leu Gly Glu Val
65                  70                  75                  80

Gly Gly Ser Val Trp Cys Gly Val Gly Tyr Met Asp Met Glu Lys Met
                85                  90                  95
```

```
Ile Leu Leu Ser Phe Gly Val His Arg Ser Ala Gln Gly Thr Gly Lys
            100                 105                 110

Ala Phe Thr Asn Asn Val Thr Asn Pro His Leu Thr Leu Pro Pro His
        115                 120                 125

Ser Thr Lys Thr Lys Lys Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His
    130                 135                 140

Thr Thr Ile Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly
145                 150                 155                 160

Gly Asp Ile Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu
                165                 170                 175

Met Tyr Ser Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp
            180                 185                 190

Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val
        195                 200                 205

Val Tyr Thr Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His
    210                 215                 220

Gly Ala Asp Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys
225                 230                 235                 240

Gly Val Gln Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile
                245                 250                 255

Phe Tyr Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp
            260                 265                 270

Ser Lys Lys Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala
        275                 280                 285

Met Lys Asp Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala
    290                 295                 300

Lys Asp Ala Gly Lys Leu Val Ala Thr Arg Val Arg Cys Lys Val
305                 310                 315
```

<210> 45
<211> 819
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(819)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 45

```
atg gac gcc tac aac gct gca atg gat aag atc ggt gcc gcc atc atc        48
Met Asp Ala Tyr Asn Ala Ala Met Asp Lys Ile Gly Ala Ala Ile Ile
1               5                   10                  15

gat tgg tct gat ccc gat gga aag ttc cgt gcc gat aga gag gac tgg        96
Asp Trp Ser Asp Pro Asp Gly Lys Phe Arg Ala Asp Arg Glu Asp Trp
            20                  25                  30

tgg ctc tgc gac ttc cgt agc gcc atc acc atc gcc ctc atc tac atc       144
Trp Leu Cys Asp Phe Arg Ser Ala Ile Thr Ile Ala Leu Ile Tyr Ile
        35                  40                  45

gcc ttc gtc atc ctc ggt tcc gcc gtc atg caa tcc ctc ccc gca atg       192
Ala Phe Val Ile Leu Gly Ser Ala Val Met Gln Ser Leu Pro Ala Met
    50                  55                  60

gat ccc tac ccc atc aaa ttc ctc tac aac gtc tcc caa atc ttc ctt       240
Asp Pro Tyr Pro Ile Lys Phe Leu Tyr Asn Val Ser Gln Ile Phe Leu
65                  70                  75                  80

tgt gcc tac atg act gtc gag gcg gga ttt ttg gcc tac cgc aat gga       288
Cys Ala Tyr Met Thr Val Glu Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Arg Asn Gly
                85                  90                  95

tat acc gtc atg cct tgc aat cat ttc aat gtg aat gat cct ccc gtg       336
Tyr Thr Val Met Pro Cys Asn His Phe Asn Val Asn Asp Pro Pro Val
            100                 105                 110

gcg aat ctt ctt tgg ttg ttt tat att tcc aag gtg tgg gac ttt tgg       384
Ala Asn Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Ile Ser Lys Val Trp Asp Phe Trp
        115                 120                 125

gat acc att ttc att gtg ttg ggg aag aag tgg cgt caa tta tct ttc       432
Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu Ser Phe
    130                 135                 140

ttg cat gta tac cat cac acc acc atc ttt cta ttc tat tgg ctg aat       480
Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp Leu Asn
145                 150                 155                 160

gcc aat gtc ttg tac gat ggt gac atc ttc ctt acc atc ttg ctc aat       528
Ala Asn Val Leu Tyr Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Leu Leu Asn
                165                 170                 175

gga ttc atc cac acg gtg atg tac acg tat tac ttc atc tgt atg cat       576
Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys Met His
            180                 185                 190

acc aaa gat tcc aag acg ggc aag agt ctt cct ata tgg tgg aag tcg       624
Thr Lys Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp Lys Ser
        195                 200                 205

agt ttg acg gcg ttt cag ttg ttg caa ttc act atc atg atg agt cag       672
Ser Leu Thr Ala Phe Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ile Met Met Ser Gln
    210                 215                 220

gct acc tac ctt gtc ttc cac ggg tgt gat aag gtg tcg ctt cgt atc       720
Ala Thr Tyr Leu Val Phe His Gly Cys Asp Lys Val Ser Leu Arg Ile
225                 230                 235                 240

acg att gtg tac ttt gtg tcc ctt ttg agt ttg ttc ttc ctt ttt gct       768
Thr Ile Val Tyr Phe Val Ser Leu Leu Ser Leu Phe Phe Leu Phe Ala
                245                 250                 255

cag ttc ttt gtg caa tca tac atg gca ccc aaa aag aag aag agt gct       816
Gln Phe Phe Val Gln Ser Tyr Met Ala Pro Lys Lys Lys Lys Ser Ala
            260                 265                 270

tag                                                                   819
```

<210> 46
<211> 272
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 46

```
Met Asp Ala Tyr Asn Ala Ala Met Asp Lys Ile Gly Ala Ala Ile Ile
1               5                  10                  15

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

Trp Leu Cys Asp Phe Arg Ser Ala Ile Thr Ile Ala Leu Ile Tyr Ile
        35                  40                  45

Ala Phe Val Ile Leu Gly Ser Ala Val Met Gln Ser Leu Pro Ala Met
    50                  55                  60

Asp Pro Tyr Pro Ile Lys Phe Leu Tyr Asn Val Ser Gln Ile Phe Leu
65                  70                  75                  80

Cys Ala Tyr Met Thr Val Glu Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Arg Asn Gly
                85                  90                  95

Tyr Thr Val Met Pro Cys Asn His Phe Asn Val Asn Asp Pro Pro Val
            100                 105                 110

Ala Asn Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Ile Ser Lys Val Trp Asp Phe Trp
        115                 120                 125

Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu Ser Phe
    130                 135                 140

Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp Leu Asn
145                 150                 155                 160

Ala Asn Val Leu Tyr Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Leu Leu Asn
                165                 170                 175

Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys Met His
            180                 185                 190

Thr Lys Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp Lys Ser
        195                 200                 205

Ser Leu Thr Ala Phe Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ile Met Met Ser Gln
    210                 215                 220
```

```
Ala Thr Tyr Leu Val Phe His Gly Cys Asp Lys Val Ser Leu Arg Ile
225                 230                 235                 240

Thr Ile Val Tyr Phe Val Ser Leu Leu Ser Leu Phe Phe Leu Phe Ala
                245                 250                 255

Gln Phe Phe Val Gln Ser Tyr Met Ala Pro Lys Lys Lys Lys Ser Ala
            260                 265                 270
```

<210> 47
<211> 936
<212> ADN
<213> *Crypthecodinium cohnii*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(936)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 47

```
atg tct gcc ttc atg act ctc cca cag gct ctc tcc gat gtg acc tcg      48
Met Ser Ala Phe Met Thr Leu Pro Gln Ala Leu Ser Asp Val Thr Ser
1               5                   10                  15

gcc ttg gtc acg ctg gga aag gat gtc tcc agc cct tca gct ttt caa      96
Ala Leu Val Thr Leu Gly Lys Asp Val Ser Ser Pro Ser Ala Phe Gln
            20                  25                  30

gct gtc act ggc ttc tgc agg gag cag tgg ggg att ccg aca gta ttc     144
Ala Val Thr Gly Phe Cys Arg Glu Gln Trp Gly Ile Pro Thr Val Phe
        35                  40                  45

tgc ctg ggc tac ttg gcc atg gtc tac gcg gcc aga aga ccc ctc ccg     192
Cys Leu Gly Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Ala Arg Arg Pro Leu Pro
    50                  55                  60

cag cac ggc tac atg gtt gcg gtg gac cgt tgc ttc gct gct tgg aac     240
Gln His Gly Tyr Met Val Ala Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn
65                  70                  75                  80

ttg gct ctc tct gtc ttc agc act tgg ggc ttc tac cac atg gct gtc     288
Leu Ala Leu Ser Val Phe Ser Thr Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val
                85                  90                  95

ggg ctc tac aac atg aca gag acg agg ggc ttg caa ttc acc atc tgc     336
Gly Leu Tyr Asn Met Thr Glu Thr Arg Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys
            100                 105                 110

ggt tcg act ggg gag ctc gtg cag aac ctc cag act ggc cca acc gct     384
Gly Ser Thr Gly Glu Leu Val Gln Asn Leu Gln Thr Gly Pro Thr Ala
        115                 120                 125

ctg gcg ctc tgc ctc ttc tgc ttc agc aag atc ccc gag ttg atg gac     432
Leu Ala Leu Cys Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Met Asp
    130                 135                 140

acg gtg ttt ctc atc ctg aag gcc aag aag gtc cgc ttc ttg cag tgg     480
Thr Val Phe Leu Ile Leu Lys Ala Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp
145                 150                 155                 160

tac cac cat gcc aca gtc atg ctc ttc tgt tgg ctc gcc ctc gcg acg     528
Tyr His His Ala Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Leu Ala Leu Ala Thr
                165                 170                 175
```

```
gag tac act cct ggc ttg tgg ttt gcg gcg acg aac tac ttc gtg cac      576
Glu Tyr Thr Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His
            180                 185                 190

tcc atc atg tac atg tac ttc ttc ctc atg acc ttc aag tcg gcc gcg      624
Ser Ile Met Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Ser Ala Ala
        195                 200                 205

aag gtg gtg aag ccc atc gcc cct ctc atc aca gtt atc cag att gct      672
Lys Val Val Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Val Ile Gln Ile Ala
    210                 215                 220

cag atg gtc tgg ggc ctc atc gtc aac ggc atc gcc atc acc acc ttc      720
Gln Met Val Trp Gly Leu Ile Val Asn Gly Ile Ala Ile Thr Thr Phe
225                 230                 235                 240

ttc acg act ggt gcc tgc cag atc cag tct gtg act gtg tat tcg gcc      768
Phe Thr Thr Gly Ala Cys Gln Ile Gln Ser Val Thr Val Tyr Ser Ala
                245                 250                 255

atc atc atg tac gct tcg tac ttc tac ctg ttc tcc cag ctc ttc ttc      816
Ile Ile Met Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Ser Gln Leu Phe Phe
            260                 265                 270

gag gcc cat ggt gcc gct ggc aag aac aag aag aag ttg acc cgc gag      864
Glu Ala His Gly Ala Ala Gly Lys Asn Lys Lys Lys Leu Thr Arg Glu
        275                 280                 285

ctc tct cga aaa atc tcg gag gct ctc ctg aac acc ggt gac gag gtt      912
Leu Ser Arg Lys Ile Ser Glu Ala Leu Leu Asn Thr Gly Asp Glu Val
    290                 295                 300

tcc aag cac ctg aag gtg aat tga                                     936
Ser Lys His Leu Lys Val Asn
305                 310
```

<210> 48
<211> 311
<212> PRT
<213> *Crypthecodinium cohnii*

<400> 48

```
Met Ser Ala Phe Met Thr Leu Pro Gln Ala Leu Ser Asp Val Thr Ser
1               5                   10                  15

Ala Leu Val Thr Leu Gly Lys Asp Val Ser Ser Pro Ser Ala Phe Gln
            20                  25                  30

Ala Val Thr Gly Phe Cys Arg Glu Gln Trp Gly Ile Pro Thr Val Phe
        35                  40                  45

Cys Leu Gly Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Ala Arg Arg Pro Leu Pro
    50                  55                  60

Gln His Gly Tyr Met Val Ala Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn
65                  70                  75                  80

Leu Ala Leu Ser Val Phe Ser Thr Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val
                85                  90                  95
```

```
Gly Leu Tyr Asn Met Thr Glu Thr Arg Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys
            100                 105                 110

Gly Ser Thr Gly Glu Leu Val Gln Asn Leu Gln Thr Gly Pro Thr Ala
        115                 120                 125

Leu Ala Leu Cys Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Met Asp
    130                 135                 140

Thr Val Phe Leu Ile Leu Lys Ala Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp
145                 150                 155                 160

Tyr His His Ala Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Leu Ala Leu Ala Thr
                165                 170                 175

Glu Tyr Thr Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His
            180                 185                 190

Ser Ile Met Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Ser Ala Ala
        195                 200                 205

Lys Val Val Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Val Ile Gln Ile Ala
    210                 215                 220

Gln Met Val Trp Gly Leu Ile Val Asn Gly Ile Ala Ile Thr Thr Phe
225                 230                 235                 240

Phe Thr Thr Gly Ala Cys Gln Ile Gln Ser Val Thr Val Tyr Ser Ala
                245                 250                 255

Ile Ile Met Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Ser Gln Leu Phe Phe
            260                 265                 270

Glu Ala His Gly Ala Ala Gly Lys Asn Lys Lys Lys Leu Thr Arg Glu
        275                 280                 285

Leu Ser Arg Lys Ile Ser Glu Ala Leu Leu Asn Thr Gly Asp Glu Val
    290                 295                 300

Ser Lys His Leu Lys Val Asn
305                 310
```

<210> 49
<211> 927
<212> ADN
<213> *Crypthecodinium cohnii*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(927)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 49

```
atg gct tcc tac caa caa gca ttc tcc gaa ttg gct aga gct ttg tcc      48
Met Ala Ser Tyr Gln Gln Ala Phe Ser Glu Leu Ala Arg Ala Leu Ser
1               5                  10                  15

act ttg aac cac gac ttc tcc agc gtc gag cca ttc aaa gtc gtg acg      96
Thr Leu Asn His Asp Phe Ser Ser Val Glu Pro Phe Lys Val Val Thr
            20                  25                  30

cag ttc tgc agg gac cag tgg gcg atc ccg aca gtc ttt tgc atc ggt     144
Gln Phe Cys Arg Asp Gln Trp Ala Ile Pro Thr Val Phe Cys Ile Gly
        35                  40                  45

tac ttg gca atg gtc tac gcc acg cga aga cct atc gcg aag cac ccc     192
Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Thr Arg Arg Pro Ile Ala Lys His Pro
    50                  55                  60

tac atg tct ctc gtg gat cgc tgc ttt gcg gcc tgg aac ttg ggc ctc     240
Tyr Met Ser Leu Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn Leu Gly Leu
65                  70                  75                  80

tcg ctc ttc agt tgc tgg ggc ttc tac cac atg gca gtg gga ctc tcc     288
Ser Leu Phe Ser Cys Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val Gly Leu Ser
                85                  90                  95

cac acc act tgg aat ttc ggg ctc cag ttc acc atc tgc ggc agc acc     336
His Thr Thr Trp Asn Phe Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys Gly Ser Thr
            100                 105                 110

acg gag ctt gtg aat ggc ttc cag aag ggc ccg gcg gcc ctc gcc ctc     384
Thr Glu Leu Val Asn Gly Phe Gln Lys Gly Pro Ala Ala Leu Ala Leu
        115                 120                 125

atc ctg ttc tgc ttc tcc aag atc ccg gag ttg ggc gac acc gtc ttc     432
Ile Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Gly Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

ttg atc ttg aag gga aag aag gtc cgc ttc ttg cag tgg tac cac cac     480
Leu Ile Leu Lys Gly Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp Tyr His His
145                 150                 155                 160

acg acc gtg atg ctc ttc tgt tgg atg gcc ttg gcg act gag tac act     528
Thr Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Met Ala Leu Ala Thr Glu Tyr Thr
                165                 170                 175

cct gga ttg tgg ttc gcg gcc acg aac tac ttc gtg cac tcc atc atg     576
Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His Ser Ile Met
            180                 185                 190

tac atg tac ttc ttc ctc atg acc ttc aag acg gcc gcc ggc atc atc     624
Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Thr Ala Ala Gly Ile Ile
        195                 200                 205

aag ccc atc gcg cct ctc atc acc atc atc cag atc tcc cag atg gtc     672
Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Ile Ile Gln Ile Ser Gln Met Val
    210                 215                 220

tgg ggc ttg gtc gtg aac gcc atc gcc gtc ggc acc ttc ttc acc aca     720
Trp Gly Leu Val Val Asn Ala Ile Ala Val Gly Thr Phe Phe Thr Thr
225                 230                 235                 240

ggc aac tgc cag atc cag gca gtg aca gtc tac tcc gcc atc gtg atg     768
Gly Asn Cys Gln Ile Gln Ala Val Thr Val Tyr Ser Ala Ile Val Met
                245                 250                 255

tac gcc tcc tac ttc tac ctc ttc ggc cag ctc ttc ttc gag gcc cag     816
Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Gly Gln Leu Phe Phe Glu Ala Gln
            260                 265                 270
```

```
ggt tcg gct gga aag gac aag aag aag ttg gcc cga gag ctg agc cga      864
Gly Ser Ala Gly Lys Asp Lys Lys Lys Leu Ala Arg Glu Leu Ser Arg
        275                 280                 285

aag gtc tcg cgg gct ctc aca gca acg ggc gaa gag gtg tcg aag cac      912
Lys Val Ser Arg Ala Leu Thr Ala Thr Gly Glu Glu Val Ser Lys His
    290                 295                 300

atg aag gtg aat tga                                                 927
Met Lys Val Asn
305
```

<210> 50
<211> 308
<212> PRT
<213> *Crypthecodinium cohnii*

<400> 50

```
Met Ala Ser Tyr Gln Gln Ala Phe Ser Glu Leu Ala Arg Ala Leu Ser
1               5                   10                  15

Thr Leu Asn His Asp Phe Ser Ser Val Glu Pro Phe Lys Val Val Thr
            20                  25                  30

Gln Phe Cys Arg Asp Gln Trp Ala Ile Pro Thr Val Phe Cys Ile Gly
        35                  40                  45

Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Thr Arg Arg Pro Ile Ala Lys His Pro
    50                  55                  60

Tyr Met Ser Leu Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn Leu Gly Leu
65                  70                  75                  80

Ser Leu Phe Ser Cys Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val Gly Leu Ser
                85                  90                  95

His Thr Thr Trp Asn Phe Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys Gly Ser Thr
            100                 105                 110

Thr Glu Leu Val Asn Gly Phe Gln Lys Gly Pro Ala Ala Leu Ala Leu
        115                 120                 125

Ile Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Gly Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

Leu Ile Leu Lys Gly Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp Tyr His His
145                 150                 155                 160

Thr Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Met Ala Leu Ala Thr Glu Tyr Thr
                165                 170                 175

Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His Ser Ile Met
            180                 185                 190
```

```
Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Thr Ala Ala Gly Ile Ile
        195                 200                 205

Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Ile Ile Gln Ile Ser Gln Met Val
    210                 215                 220

Trp Gly Leu Val Val Asn Ala Ile Ala Val Gly Thr Phe Phe Thr Thr
225                 230                 235                 240

Gly Asn Cys Gln Ile Gln Ala Val Thr Val Tyr Ser Ala Ile Val Met
                245                 250                 255

Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Gly Gln Leu Phe Phe Glu Ala Gln
            260                 265                 270

Gly Ser Ala Gly Lys Asp Lys Lys Lys Leu Ala Arg Glu Leu Ser Arg
        275                 280                 285

Lys Val Ser Arg Ala Leu Thr Ala Thr Gly Glu Glu Val Ser Lys His
    290                 295                 300

Met Lys Val Asn
305
```

<210> 51
<211> 795
<212> ADN
<213> *Oncorhynchus nrykiss*

<220>
<221> CDS
<222> (11)..(795)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 51

```
atg gct tca aca tgg caa agc gtt cag tcc atg cgc cag tgg att tta       48
Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
1               5                   10                  15

gag aat gga gat aaa agg aca gac cca tgg cta ctg gtc tac tcc cct       96
Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
            20                  25                  30

atg cca gtg gcc att ata ttc ctc ctc tat ctt ggt gtg gtc tgg gct      144
Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
        35                  40                  45

ggg ccc aag ctg atg aaa cgc agg gaa cca gtt gat ctc aag gct gta      192
Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
    50                  55                  60

ctc att gtc tac aac ttc gcc atg gtc tgc ctg tct gtc tac atg ttc      240
Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65                  70                  75                  80

cat gag ttc ttg gtc acg tcc ttg ctg tct aac tac agt tac ctg tgt      288
His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
                85                  90                  95
```

```
caa cct gtg gat tac agc act agt cca ctg gcg atg agg atg gcc aaa      336
Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
            100                 105                 110

gta tgc tgg tgg ttt ttc ttc tcc aag gtc ata gaa ttg gct gac acg      384
Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr
        115                 120                 125

gtg ttc ttc atc ctg agg aag aag aac agt cag ctg act ttc ctg cat      432
Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
    130                 135                 140

gtc tat cac cat ggc acc atg atc ttc aac tgg tgg gca ggg gtc aag      480
Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
145                 150                 155                 160

tat ctg gct gga ggc caa tcg ttc ttc atc ggc ctg ctc aat acc ttt      528
Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
                165                 170                 175

gtg cac atc gtg atg tac tct tac tac gga ctg gct gcc ctg ggg cct      576
Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
            180                 185                 190

cac acg cag aag tac tta tgg tgg aag cgc tat ctg acc tca ctg cag      624
His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
        195                 200                 205

ctg ctc cag ttt gtc ctg ttg acc act cac act ggc tac aac ctc ttc      672
Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
    210                 215                 220

act gag tgt gac ttc ccg gac tcc atg aac gct gcg gtg ttt gcc tac      720
Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
225                 230                 235                 240

tgt gtc agt ctc att gct ctc ttc agc aac ttc tac tat cag agc tac      768
Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
                245                 250                 255

ctc aac agg aag agc aag aag aca taa                                  795
Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
            260
```

<210> 52
<211> 264
<212> PRT
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 52

```
Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
1               5                   10                  15

Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
            20                  25                  30

Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
        35                  40                  45

Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
    50                  55                  60
```

```
Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65                  70                  75                  80

His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
                85                  90                  95

Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
            100                 105                 110

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

Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
    130                 135                 140

Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
145                 150                 155                 160

Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
                165                 170                 175

Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
            180                 185                 190

His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
        195                 200                 205

Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
    210                 215                 220

Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
                245                 250                 255

Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
            260
```

<210> 53
<211> 885
<212> ADN
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(885)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 53

```
atg gag act ttt aat tat aaa cta aac atg tac ata gac tca tgg atg      48
Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
1               5                   10                  15
```

```
ggt ccc aga gat gag cgg gta cag gga tgg ctg ctt ctg gac aac tac        96
Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr
            20                  25                  30

cct cca acc ttt gca cta aca gtc atg tac ctg ctg atc gta tgg atg       144
Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met
        35                  40                  45

ggg ccc aag tac atg aga cac aga cag ccg gtg tct tgc cgg ggt ctc       192
Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu
    50                  55                  60

ctc ttg gtc tac aat ctg ggc ctc acg atc ttg tcc ttc tat atg ttc       240
Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe
65                  70                  75                  80

tat gag atg gtg tct gct gtg tgg cac ggg gat tat aac ttc ttt tgc       288
Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys
                85                  90                  95

caa gac aca cac agt gca gga gaa acc gat acc aag atc ata aat gtg       336
Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val
            100                 105                 110

ctg tgg tgg tac tac ttc tcc aag ctc ata gag ttt atg gat acc ttc       384
Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe
        115                 120                 125

ttc ttc atc ctg cgg aag aac aac cat caa atc acg ttt ctg cac atc       432
Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile
    130                 135                 140

tac cac cat gct agc atg ctc aac atc tgg tgg ttc gtc atg aac tgg       480
Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp
145                 150                 155                 160

gtg ccc tgt ggt cac tcc tac ttt ggt gcc tcc ctg aac agc ttc atc       528
Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile
                165                 170                 175

cat gtc ctg atg tac tct tac tat ggg ctc tct gct gtc ccg gcc ttg       576
His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu
            180                 185                 190

cgg ccc tat cta tgg tgg aag aaa tac atc aca caa gta cag ctg att       624
Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile
        195                 200                 205

cag ttc ttt ttg acc atg tcc cag acg ata tgt gca gtc att tgg cca       672
Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro
    210                 215                 220

tgt gat ttc ccc aga ggg tgg ctg tat ttc cag ata ttc tat gtc atc       720
Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile
225                 230                 235                 240

aca ctt att gcc ctt ttc tca aac ttc tac att cag act tac aag aaa       768
Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys
                245                 250                 255

cac ctt gtt tca caa aag aag gag tat cat cag aat ggc tct gtt gct       816
His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala
            260                 265                 270

tcc ttg aat ggc cat gtg aat ggg gtg aca ccc acg gaa acc att aca       864
Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr
        275                 280                 285

cac agg aaa gtg agg ggg gac                                           885
His Arg Lys Val Arg Gly Asp
    290                 295
```

<210> 54
<211> 295
<212> PRT
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 54

```
Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
1               5                  10                  15

Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr
            20                  25                  30

Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met
        35                  40                  45

Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu
    50                  55                  60

Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe
65                  70                  75                  80

Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys
                85                  90                  95

Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val
            100                 105                 110

Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe
        115                 120                 125

Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile
    130                 135                 140

Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp
145                 150                 155                 160

Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile
                165                 170                 175

His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu
            180                 185                 190

Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile
        195                 200                 205

Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cya Ala Val Ile Trp Pro
    210                 215                 220
```

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

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

His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala
            260                 265                 270

Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr
        275                 280                 285

His Arg Lys Val Arg Gly Asp
    290                 295
```

<210> 55
<211> 6753
<212> ADN
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
<221> CDS
<222> (513)..(1397)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 55

```
acggattaga agccgccgag cgggtgacag ccctccgaag gaagactctc ctccgtgcgt     60

cctcgtcctc accggtcgcg ttcctgaaac gcagatgtgc ctcgcgccgc actgctccga    120

acaataaaga ttctacaata ctagctttta tggttatgaa gaggaaaaat tggcagtaac    180

ctggccccac aaaccttcaa atgaacgaat caaattaaca accataggat gataatgcga    240

ttagtttttt agccttattt ctggggtaat taatcagcga agcgatgatt tttgatctat    300

taacagatat ataaatgcaa aaactgcatt aaccactttа actaatactt tcaacatttt    360

cggtttgtat tacttcttat tcaaatgtaa taaaagtatc aacaaaaaat tgttaatata    420

cctctatact ttaacgtcaa ggagaaaaaa ccccggatcg gactactagc agctgtaata    480

cgactcacta tagggaatat taagcttaca ta atg gag act ttt aat tat aaa      533
                                    Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys
                                    1               5

cta aac atg tac ata gac tca tgg atg ggt ccc aga gat gag cgg gta      581
Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val
        10                  15                  20

cag gga tgg ctg ctt ctg gac aac tac cct cca acc ttt gca cta aca      629
Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr
    25                  30                  35

gtc atg tac ctg ctg atc gta tgg atg ggg ccc aag tac atg aga cac      677
Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met Gly Pro Lys Tyr Met Arg His
40                  45                  50                  55

aga cag ccg gtg tct tgc cgg ggt ctc ctc ttg gtc tac aat ctg ggc      725
Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly
                60                  65                  70
```

```
ctc acg atc ttg tcc ttc tat atg ttc tat gag atg gtg tct gct gtg      773
Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe Tyr Glu Met Val Ser Ala Val
            75                  80                  85

tgg cac ggg gat tat aac ttc ttt tgc caa gac aca cac agt gca gga      821
Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys Gln Asp Thr His Ser Ala Gly
        90                  95                  100

gaa acc gat acc aag atc ata aat gtg ctg tgg tgg tac tac ttc tcc      869
Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser
    105                 110                 115

aag ctc ata gag ttt atg gat acc ttc ttc ttc atc ctg cgg aag aac      917
Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn
120                 125                 130                 135

aac cat caa atc acg ttt ctg cac atc tac cac cat gct agc atg ctc      965
Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile Tyr His His Ala Ser Met Leu
                140                 145                 150

aac atc tgg tgg ttc gtc atg aac tgg gtg ccc tgt ggt cac tcc tac     1013
Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp Val Pro Cys Gly His Ser Tyr
            155                 160                 165

ttt ggt gcc tcc ctg aac agc ttc atc cat gtc ctg atg tac tct tac     1061
Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile His Val Leu Met Tyr Ser Tyr
        170                 175                 180

tat ggg ctc tct gct gtc ccg gcc ttg cgg ccc tat cta tgg tgg aag     1109
Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys
    185                 190                 195

aaa tac atc aca caa gta cag ctg att cag ttc ttt ttg acc atg tcc     1157
Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser
200                 205                 210                 215

cag acg ata tgt gca gtc att tgg cca tgt gat ttc ccc aga ggg tgg     1205
Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp
                220                 225                 230

ctg tat ttc cag ata ttc tat gtc atc aca ctt att gcc ctt ttc tca     1253
Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser
            235                 240                 245

aac ttc tac att cag act tac aag aaa cac ctt gtt tca caa aag aag     1301
Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys His Leu Val Ser Gln Lys Lys
        250                 255                 260

gag tat cat cag aat ggc tct gtt gct tca ttg aat ggc cat gtg aat     1349
Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala Ser Leu Asn Gly His Val Asn
    265                 270                 275

ggg gtg aca ccc acg gaa acc att aca cac agg aaa gtg agg ggg gac     1397
Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr His Arg Lys Val Arg Gly Asp
280                 285                 290                 295

tgaaggatcc actagtaacg gccgccagtg tgctggaatt ctgcagatat ccagcacagt   1457

ggcggccgct cgagtctaga gggcccttcg aaggtaagcc tatccctaac cctctcctcg   1517

gtctcgattc tacgcgtacc ggtcatcatc accatcacca ttgagtttaa acccgctgat   1577

cctagagggc cgcatcatgt aattagttat gtcacgctta cattcacgcc ctcccccccac  1637

atccgctcta accgaaaagg aaggagttag acaacctgaa gtctaggtcc ctatttattt   1697

ttttatagtt atgttagtat taagaacgtt atttatattt caaatttttc ttttttttcc   1757
```

gtacagacgc gtgtacgcat gtaacattat actgaaaacc ttgcttgaga aggttttggg 1817

acgctcgaag gctttaattt gcaagctgcg gccctgcatt aatgaatcgg ccaacgcgcg 1877

gggagaggcg gtttgcgtat tgggcgctct tccgcttcct cgctcactga ctcgctgcgc 1937

tcggtcgttc ggctgcggcg agcggtatca gctcactcaa aggcggtaat acggttatcc 1997

acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca aaaggccagg 2057

aaccgtaaaa aggccgcgtt gctggcgttt ttccataggc tccgcccccc tgacgagcat 2117

cacaaaaatc gacgctcaag tcagaggtgg cgaaacccga caggactata aagataccag 2177

gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc gcttaccgga 2237

taccctgccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc acgctgtagg 2297

tatctcagtt cggtgtaggt cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga accccccgtt 2357

cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc ggtaagacac 2417

gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag gtatgtaggc 2477

ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag gacagtattt 2537

ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag ctcttgatcc 2597

ggcaaacaaa ccaccgctgg tagcggtggt ttttttgttt gcaagcagca gattacgcgc 2657

agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga cgctcagtgg 2717

aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagattat caaaaaggat cttcacctag 2777

atccttttaa attaaaaatg aagttttaaa tcaatctaaa gtatatatga gtaaacttgg 2837

tctgacagtt accaatgctt aatcagtgag gcacctatct cagcgatctg tctatttcgt 2897

tcatccatag ttgcctgact ccccgtcgtg tagataacta cgatacggga gcgcttacca 2957

tctggcccca gtgctgcaat gataccgcga gacccacgct caccggctcc agatttatca 3017

gcaataaacc agccagccgg aagggccgag cgcagaagtg gtcctgcaac tttatccgcc 3077

tccatccagt ctattaattg ttgccgggaa gctagagtaa gtagttcgcc agttaatagt 3137

ttgcgcaacg ttgttgccat tgctacaggc atcgtggtgt cacgctcgtc gtttggtatg 3197

gcttcattca gctccggttc ccaacgatca aggcgagtta catgatcccc catgttgtgc 3257

aaaaaagcgg ttagctcctt cggtcctccg atcgttgtca gaagtaagtt ggccgcagtg 3317

ttatcactca tggttatggc agcactgcat aattctctta ctgtcatgcc atccgtaaga 3377

tgcttttctg tgactggtga gtactcaacc aagtcattct gagaatagtg tatgcggcga 3437

ccgagttgct cttgcccggc gtcaacacgg gataataccg cgccacatag cagaacttta 3497

aaagtgctca tcattggaaa acgttcttcg gggcgaaaac tctcaaggat cttaccgctg 3557

ttgagatcca gttcgatgta acccactcgt gcacccaact gatcttcagc atcttttact 3617

ttcaccagcg tttctgggtg agcaaaaaca ggaaggcaaa atgccgcaaa aaagggaata 3677

agggcgacac ggaaatgttg aatactcata ctcttccttt ttcaatatta ttgaagcatt 3737

tatcagggtt attgtctcat gagcggatac atatttgaat gtatttagaa aaataaacaa 3797

atagggttc cgcgcacatt tccccgaaaa gtgccacctg acgtctaaga aaccattatt 3857
atcatgacat taacctataa aaataggcgt atcacgaggc cctttcgtct tcaagaaatt 3917
cggtcgaaaa aagaaaagga gagggccaag agggagggca ttggtgacta ttgagcacgt 3977
gagtatacgt gattaagcac acaaaggcag cttggagtat gtctgttatt aatttcacag 4037
gtagttctgg tccattggtg aaagtttgcg gcttgcagag cacagaggcc gcagaatgtg 4097
ctctagattc cgatgctgac ttgctgggta ttatatgtgt gcccaataga aagagaacaa 4157
ttgacccggt tattgcaagg aaaatttcaa gtcttgtaaa agcatataaa aatagttcag 4217
gcactccgaa atacttggtt ggcgtgtttc gtaatcaacc taaggaggat gttttggctc 4277
tggtcaatga ttacggcatt gatatcgtcc aactgcacgg agatgagtcg tggcaagaat 4337
accaagagtt cctcggtttg ccagttatta aaagactcgt atttccaaaa gactgcaaca 4397
tactactcag tgcagcttca cagaaacctc attcgtttat tcccttgttt gattcagaag 4457
caggtgggac aggtgaactt ttggattgga actcgatttc tgactgggtt ggaaggcaag 4517
agagccccga gagcttacat tttatgttag ctggtggact gacgccagaa aatgttggtg 4577
atgcgcttag attaaatggc gttattggtg ttgatgtaag cggaggtgtg gagacaaatg 4637
gtgtaaaaga ctctaacaaa atagcaaatt tcgtcaaaaa tgctaagaaa taggttatta 4697
ctgagtagta tttatttaag tattgtttgt gcacttgccc tagcttatcg atgataagct 4757
gtcaaagatg agaattaatt ccacggacta tagactatac tagatactcc gtctactgta 4817
cgatacactt ccgctcaggt ccttgtcctt taacgaggcc ttaccactct tttgttactc 4877
tattgatcca gctcagcaaa ggcagtgtga tctaagattc tatcttcgcg atgtagtaaa 4937
actagctaga ccgagaaaga gactagaaat gcaaaaggca cttctacaat ggctgccatc 4997
attattatcc gatgtgacgc tgcagcttct caatgatatt cgaatacgct ttgaggagat 5057
acagcctaat atccgacaaa ctgttttaca gatttacgat cgtacttgtt acccatcatt 5117
gaattttgaa catccgaacc tgggagtttt ccctgaaaca gatagtatat ttgaacctgt 5177
ataataatat atagtctagc gctttacgga agacaatgta tgtatttcgg ttcctggaga 5237
aactattgca tctattgcat aggtaatctt gcacgtcgca tccccggttc attttctgcg 5297
tttccatctt gcacttcaat agcatatctt tgttaacgaa gcatctgtgc ttcatctttgt 5357
agaacaaaaa tgcaacgcga gagcgctaat ttttcaaaca aagaatctga gctgcatttt 5417
tacagaacag aaatgcaacg cgaaagcgct attttaccaa cgaagaatct gtgcttcatt 5477
tttgtaaaac aaaaatgcaa cgcgacgaga gcgctaattt ttcaaacaaa gaatctgagc 5537
tgcatttttа cagaacagaa atgcaacgcg agagcgctat tttaccaaca aagaatctat 5597
acttcttttt tgttctacaa aaatgcatcc cgagagcgct atttttctaa caaagcatct 5657
tagattactt ttttttcttt ttgtgcgctc tataatgcag tctcttgata acttttgca 5717
ctgtaggtcc gttaaggtta gaagaaggct actttggtgt ctatttttctc ttccataaaa 5777
aaagcctgac tccacttccc gcgtttactg attactagcg aagctgcggg tgcatttttt 5837

caagataaag gcatccccga ttatattcta taccgatgtg gattgcgcat actttgtgaa 5897

cagaaagtga tagcgttgat gattcttcat tggtcagaaa attatgaacg gtttcttcta 5957

ttttgtctct atatactacg tataggaaat gtttacattt tcgtattgtt ttcgattcac 6017

tctatgaata gttcttacta caatttttt gtctaaagag taatactaga gataaaacata 6077

aaaaatgtag aggtcgagtt tagatgcaag ttcaaggagc gaaaggtgga tgggtaggtt 6137

atatagggat atagcacaga gatatatagc aaagagatac ttttgagcaa tgtttgtgga 6197

agcggtattc gcaatgggaa gctccacccc ggttgataat cagaaaagcc ccaaaaacag 6257

gaagattgta taagcaaata tttaaattgt aaacgttaat attttgttaa aattcgcgtt 6317

aaatttttgt taaatcagct catttttaa cgaatagccc gaaatcggca aaatccctta 6377

taaatcaaaa gaatagaccg agatagggtt gagtgttgtt ccagtttcca acaagagtcc 6437

actattaaag aacgtggact ccaacgtcaa agggcgaaaa agggtctatc agggcgatgg 6497

cccactacgt gaaccatcac cctaatcaag ttttttgggg tcgaggtgcc gtaaagcagt 6557

aaatcggaag ggtaaacgga tgccccccatt tagagcttga cggggaaagc cggcgaacgt 6617

ggcgagaaag gaagggaaga aagcgaaagg agcgggggct agggcggtgg gaagtgtagg 6677

ggtcacgctg ggcgtaacca ccacacccgc cgcgcttaat ggggcgctac agggcgcgtg 6737

gggatgatcc actagt 6753

<210> 56
<211> 295
<212> PRT
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 56

Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
1 5 10 15

Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr
20 25 30

Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met
35 40 45

Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu
50 55 60

Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe
65 70 75 80

Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys
85 90 95

Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val
100 105 110

```
Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe
        115                 120                 125

Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile
    130                 135                 140

Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp
145                 150                 155                 160

Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile
                165                 170                 175

His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu
            180                 185                 190

Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile
        195                 200                 205

Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro
    210                 215                 220

Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile
225                 230                 235                 240

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

His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala
            260                 265                 270

Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr
        275                 280                 285

His Arg Lys Val Arg Gly Asp
    290                 295
```

<210> 57
<211> 6645
<212> ADN
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
<221> CDS
<222> (513)..(1304)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 57

```
acggattaga agccgccgag cgggtgacag ccctccgaag gaagactctc ctccgtgcgt     60

cctcgtcctc acggtcgcg ttcctgaaac gcagatgtgc ctcgcgccgc actgctccga     120

acaataaaga ttctacaata ctagcttta tggttatgaa gaggaaaaat tggcagtaac     180

ctggccccac aaaccttcaa atgaacgaat caaattaaca accataggat gataatgcga     240
```

```
ttagtttttt agcccttatt ctggggtaat taatcagcga agcgatgatt tttgatctat    300

taacagatat ataaatgcaa aaactgcatt aaccactttta actaatactt tcaacatttt    360

cggtttgtat tacttcttat tcaaatgtaa taaaagtatc aacaaaaaat tgttaatata    420

cctctatact ttaacgtcaa ggagaaaaaa ccccggatcg gactactagc agctgtaata    480

cgactcacta tagggaatat taagcttaca ta atg gct tca aca tgg caa agc      533
                                     Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser
                                     1               5

gtt cag tcc atg cgc cag tgg att tta gag aat gga gat aaa agg aca      581
Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr
        10                  15                  20

gac cca tgg cta ctg gtc tac tcc cct atg cca gtg gcc att ata ttc      629
Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro Met Pro Val Ala Ile Ile Phe
    25                  30                  35

ctc ctc tat ctt ggt gtg gtc tgg gct ggg ccc aag ctg atg aaa cgc      677
Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg
40                  45                  50                  55

agg gaa cca gtt gat ctc aag gct gta ctc att gtc tac aac ttc gcc      725
Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala
                60                  65                  70

atg gtc tgc ctg tct gtc tac atg ttc cat gag ttc ttg gtc acg tcc      773
Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe His Glu Phe Leu Val Thr Ser
            75                  80                  85

ttg ctg tct aac tac agt tac ctg tgt caa cct gtg gat tac agc act      821
Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr
        90                  95                  100

agt cca ctg gcg atg agg atg gcc aaa gta tgc tgg tgg ttt ttc ttc      869
Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe
    105                 110                 115

tcc aag gtc ata gaa ttg gct gac acg gtg ttc ttc atc ctg agg aag      917
Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys
120                 125                 130                 135

aag aac agt cag ctg act ttc ctg cat gtc tat cac cat ggc acc atg      965
Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His Val Tyr His His Gly Thr Met
                140                 145                 150

atc ttc aac tgg tgg gca ggg gtc aag tat ctg gct gga ggc caa tcg     1013
Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser
            155                 160                 165

ttc ttc atc ggc ctg ctc aat acc ttt gtg cac atc gtg atg tac tct     1061
Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe Val His Ile Val Met Tyr Ser
        170                 175                 180

tac tac gga ctg gct gcc ctg ggg cct cac acg cag aag tac tta tgg     1109
Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp
    185                 190                 195

tgg aag cgc tat ctg acc tca ctg cag ctg ctc cag ttt gtc ctg ttg     1157
Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu
200                 205                 210                 215

acc act cac act ggc tac aac ctc ttc act gag tgt gac ttc ccg gac     1205
Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp
                220                 225                 230
```

tcc atg aac gct gtg gtg ttt gcc tac tgt gtc agt ctc att gct ctc 1253
Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu
235 240 245

ttc agc aac ttc tac tat cag agc tac ctc aac agg aag agc aag aag 1301
Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys
250 255 260

aca taaggatcca ctagtaacgg ccgccagtgt gctggaattc tgcagatatc 1354
Thr

catcacactg gcggccgctc gagcatgcat ctagagggcc gcatcatgta attagttatg 1414

tcacgcttac attcacgccc tccccccaca tccgctctaa ccgaaaagga aggagttaga 1474

caacctgaag tctaggtccc tatttatttt tttatagtta tgttagtatt aagaacgtta 1534

tttatatttc aaatttttct ttttttttctg tacagacgcg tgtacgcatg taacattata 1594

ctgaaaacct tgcttgagaa ggttttggga cgctcgaagg ctttaatttg cggccctgca 1654

ttaatgaatc ggccaacgcg cggggagagg cggtttgcgt attgggcgct cttccgcttc 1714

ctcgctcact gactcgctgc gctcggtcgt tcggctgcgg cgagcggtat cagctcactc 1774

aaaggcggta atacggttat ccacagaatc aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc 1834

aaaaggccag caaaagccca ggaaccgtaa aaaggccgcg ttgctggcgt ttttccatag 1894

gctccgcccc cctgacgagc atcacaaaaa tcgacgctca agtcagaggt ggcgaaaccc 1954

gacaggacta taaagatacc aggcgtttcc cccctggaagc tccctcgtgc gctctcctgt 2014

tccgaccctg ccgcttaccg gatacctgtc cgcctttctc ccttcgggaa gcgtggcgct 2074

ttctcatagc tcacgctgta ggtatctcag ttcggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg 2134

ctgtgtgcac gaaccccccg ttcagcccga ccgctgcgcc ttatccggta actatcgtct 2194

tgagtccaac ccggtaagac acgacttatc gccactggca gcagccactg gtaacaggat 2254

tagcagagcg aggtatgtag gcggtgctac agagttcttg aagtggtggc ctaactacgg 2314

ctacactaga aggacagtat ttggtatctg cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa 2374

aagagttggt agctcttgat ccggcaaaca aaccaccgct ggtagcggtg gttttttgt 2434

ttgcaagcag cagattacgc gcagaaaaaa aggatctcaa gaagatcctt tgatcttttc 2494

tacggggtct gacgctcagt ggaacgaaaa ctcacgttaa gggattttgg tcatgagatt 2554

atcaaaaagg atcttcacct agatcctttt aaattaaaaa tgaagtttta aatcaatcta 2614

aagtatatat gagtaaactt ggtctgacag ttaccaatgc ttaatcagtg aggcacctat 2674

ctcagcgatc tgtctatttc gttcatccat agttgcctga ctccccgtcg tgtagataac 2734

tacgatacgg gagcgcttac catctggccc cagtgctgca atgataccgc gagacccacg 2794

ctcaccggct ccagatttat cagcaataaa ccagccagcc ggaagggccg agcgcagaag 2854

tggtcctgca actttatccg cctccattca gtctattaat tgttgccggg aagctagagt 2914

aagtagttcg ccagttaata gtttgcgcaa cgttgttggc attgctacag gcatcgtggt 2974

gtcacgctcg tcgtttggta tggcttcatt cagctccggt tcccaacgat caaggcgagt 3034

tacatgatcc cccatgttgt gcaaaaaagc ggttagctcc ttcggtcctc cgatcgttgt 3094
cagaagtaag ttggccgcag tgttatcact catggttatg gcagcactgc ataattctct 3154
tactgtcatg ccatccgtaa gatgcttttc tgtgactggt gagtactcaa ccaagtcatt 3214
ctgagaatag tgtatgcggc gaccgagttg ctcttgcccg gcgtcaatac gggataatag 3274
tgtatcacat agcagaactt taaaagtgct catcattgga aaacgttctt cggggcgaaa 3334
actctcaagg atcttaccgc tgttgagatc cagttcgatg taacccactc gtgcacccaa 3394
ctgatcttca gcatctttta ctttcaccag cgtttctggg tgagcaaaaa caggaaggca 3454
aaatgccgca aaaaagggaa taagggcgac acggaaatgt tgaatactca tactcttcct 3514
ttttcaatgg gtaataactg atataattaa attgaagctc taatttgtga gtttagtata 3574
catgcattta ctcataatac agtttttag ttttgctggc cgcatcttct caaatatgct 3634
tcccagcctg cttttctgta acgttcaccc tctaccttag catcccttcc ctttgcaaat 3694
agtcctcttc caacaataat aatgtcagat cctgtagaga ccacatcatc cacggttcta 3754
tactgttgac ccaatgcgtc tccccttgtca tctaaaccca caccgggtgt cataatcaac 3814
caatcgtaac cttcatctct tccacccatg tctctttgag caataaagcc gataacaaaa 3874
tctttgtcgc tcttcgcaat gtcaacagta cccttagtat attctccagt agatagggag 3934
cccttgcatg acaattctgc taacatcaaa aggcctctag gttcctttgt tacttcttct 3994
gccgcctgct tcaaaccgct aacaatacct gggcccacca caccgtgtgc attcgtaatg 4054
tctgcccatt ctgctattct gtatacaccc gcagagtact gcaatttgac tgtattacca 4114
atgtcagcaa attttctgtc ttcgaagagt aaaaaattgt acttggcgga taatgccttt 4174
agcggcttaa ctgtgccctc catggaaaaa tcagtcaaga tatccacatg tgtttttagt 4234
aaacaaattt tgggacctaa tgcttcaact aactccagta attccttggt ggtacgaaca 4294
tccaatgaag cacacaagtt tgtttgcttt tcgtgcatga tattaaatag cttggcagca 4354
acaggactag gatgagtagc agcacgttcc ttatatgtag ctttcgacat gatttatctt 4414
cgtttcctgc aggtttttgt tctgtgcagt tgggttaaga atactgggca atttcatgtt 4474
tcttcaacac tacatatgcg tatatatacc aatctaagtc tgtgctcctt ccttcgttct 4534
tccttctgtt cggagattac cgaatcaaaa aaatttcaaa gaaaccgaaa tcaaaaaaaa 4594
gaataaaaaa aaaatgatga attgaattga aaagctagct tatcgatgat aagctgtcaa 4654
agatgagaat taattccacg gactatagac tatactagat actccgtcta ctgtacgata 4714
cacttccgct caggtccttg tcctttaacg aggccttacc actcttttgt tactctattg 4774
atccagctca gcaaaggcag tgtgatctaa gattctatct tcgcgatgta gtaaaactag 4834
ctagaccgag aaagagacta gaaatgcaaa aggcacttct acaatggctg ccatcattat 4894
tattcgatgt gacgctgcag cttctcaatg atattcgaat acgctttgag gagatacagc 4954
ctaatatccg acaaactgtt ttacagattt acgatcgtac ttgttaccca tcattgaatt 5014
ttgaacatcc gaacctggga gttttccctg aaacagatag tatatttgaa cctgtataat 5074

```
aatatatagt ctagcgcttt acggaagaca atgtatgtat ttcggttcct ggagaaacta   5134
ttgcatctat tgcataggta atcttgcacg tcgcatcccc ggttcatttt ctgcgtttcc   5194
atccttgcact tcaatagcat atctttgtta acgaagcatc tgtgcttcat tttgtagaac   5254
aaaaatgcaa cgcgagagcg ctaatttttc aaacaaagaa tctgagctgc attttttacag   5314
aacagaaatg caacgcgaaa gcgctatttt accaacgaag aatctgtgct tcatttttgt   5374
aaaacaaaaa tgcaacgcga cgagagcgct aatttttcaa acaaagaatc tgagctgcat   5434
ttttacagaa cagaaatgca acgcgagagc gctattttac caacaaagaa tctatacttc   5494
ttttttgttc tacaaaaatg catcccgaga gcgctatttt tctaacaaag catcttagat   5554
tacttttttt ctcctttgtg cgctctataa tgcagtctct tgataacttt ttgcactgta   5614
ggtccgttaa ggttagaaga aggctacttt ggtgtctatt ttctcttcca taaaaaaagc   5674
ctgactccac ttcccgcgtt tactgattac tagcgaagct gcgggtgcat tttttcaaga   5734
taaaggcatc cccgattata ttctataccg atgtggattg cgcatacttt gtgaacagaa   5794
agtgatagcg ttgatgattc ttcattggtc agaaaaattat gaacggtttc ttctattttg   5854
tcttctatata ctacgtatag gaaatgttta cattttcgta ttgttttcga ttcactctat   5914
gaatagttct tactacaatt tttttgtcta aagagtaata ctagagataa acataaaaaa   5974
tgtagaggtc gagtttagat gcaagttcaa ggagcgaaag gtggatgggt aggttatata   6034
gggatatagc acagagatat atagcaaaga gatacttttg agcaatgttt gtggaagcgg   6094
tattcgcaat gggaagctcc accccggttg ataatcagaa aagccccaaa aacaggaaga   6154
ttgtataagc aaatatttaa attgtaaacg ttaatatttt gttaaaattc gcgttaaatt   6214
tttgttaaat cagctcattt tttaacgaat agcccgaaat cggcaaaatc ccttataaat   6274
caaaagaata gaccgagata gggttgagtg ttgttccagt ttccaacaag agtccactat   6334
taaagaacgt ggactccaac gtcaaagggc gaaaaagggt ctatcagggc gatggcccac   6394
tacgtgaacc atcaccctaa tcaagttttt tggggtcgag gtgccgtaaa gcagtaaatc   6454
ggaagggtaa acggatgccc ccatttagag cttgacgggg aaagccggcg aacgtggcga   6514
gaaaggaagg gaagaaagcg aaaggagcgg gggctagggc ggtgggaagt gtaggggtca   6574
cgctgggcgt aaccaccaca cccgccgcgc ttaatggggc gctacagggc gcgtggggat   6634
gatccactag t                                                       6645
```

<210> 58
<211> 264
<212> PRT
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 58

```
Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
1               5                  10                  15

Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
            20                  25                  30
```

```
Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
        35                  40                  45

Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
    50                  55                  60

Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65                  70                  75                  80

His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
                85                  90                  95

Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
            100                 105                 110

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

Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
    130                 135                 140

Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
145                 150                 155                 160

Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
                165                 170                 175

Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
            180                 185                 190

His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
        195                 200                 205

Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
    210                 215                 220

Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
                245                 250                 255

Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
            260
```

<210> 59
<211> 1077
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1077)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 59

```
atg tgc tca tca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca        48
Met Cys Ser Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
1               5                   10                  15

cgg tac acc acc gcc gcc ctc ctc ctc ctc acc ctc aca aca tgg tgc        96
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
            20                  25                  30

cac ttc gcc ttc cca gcc gcc acc gcc aca ccc ggc ctc acc gcc gaa       144
His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
        35                  40                  45

atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg       192
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
    50                  55                  60

agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag       240
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
65                  70                  75                  80

tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg       288
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
                85                  90                  95

gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg       336
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
            100                 105                 110

gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg       384
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
        115                 120                 125

gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt       432
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
    130                 135                 140

gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg       480
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
145                 150                 155                 160

aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata       528
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
                165                 170                 175

gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt gga gac att       576
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
            180                 185                 190

tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc       624
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
        195                 200                 205

tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac       672
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
    210                 215                 220

ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg       720
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
225                 230                 235                 240

ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat       768
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
```

```
                    245                 250                 255

gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag      816
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
            260                 265                 270

gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc tct tcc atc ttt tat aaa      864
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
        275                 280                 285

cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag      912
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
    290                 295                 300

aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat      960
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
305                 310                 315                 320

ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct     1008
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
                325                 330                 335

gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act     1056
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
            340                 345                 350

cgt gtt act ggt gcc atg tag                                        1077
Arg Val Thr Gly Ala Met
        355
```

<210> 60
<211> 358
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 60

```
Met Cys Ser Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
1               5                   10                  15

Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
            20                  25                  30

His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
        35                  40                  45

Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
    50                  55                  60

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
65                  70                  75                  80

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
                85                  90                  95

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
            100                 105                 110

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
        115                 120                 125
```

```
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
    130                 135                 140

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
145                 150                 155                 160

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
                165                 170                 175

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
            180                 185                 190

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
        195                 200                 205

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
    210                 215                 220

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
225                 230                 235                 240

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
                245                 250                 255

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
            260                 265                 270

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
        275                 280                 285

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
    290                 295                 300

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
305                 310                 315                 320

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
                325                 330                 335

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
            340                 345                 350

Arg Val Thr Gly Ala Met
        355
```

<210> 61
<211> 933
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CVS
<222> (1)..(933)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 61

```
atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg      48
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1               5                  10                  15

agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag      96
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
            20                  25                  30

tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg     144
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
        35                  40                  45

gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg     192
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
    50                  55                  60

gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg     240
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
65                  70                  75                  80

gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt     288
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
                85                  90                  95

gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg     336
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
            100                 105                 110

aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata     384
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
        115                 120                 125

gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt gga gac att     432
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
    130                 135                 140

tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc     480
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145                 150                 155                 160

tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac     528
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
                165                 170                 175

ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg     576
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
            180                 185                 190

ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat     624
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
        195                 200                 205

gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag     672
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cya Cys Gly Val Gln
    210                 215                 220

gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa     720
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225                 230                 235                 240

cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag     768
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lya
```

```
                    245                 250                 255

aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat      816
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
            260                 265                 270

ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct      864
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
        275                 280                 285

gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act      912
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
    290                 295                 300

cgt gtt act ggt gcc atg tag                                      933
Arg Val Thr Gly Ala Met
305                 310
```

<210> 62
<211> 310
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 62

```
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1               5                   10                  15

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
            20                  25                  30

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
        35                  40                  45

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
    50                  55                  60

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
65                  70                  75                  80

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
                85                  90                  95

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
            100                 105                 110

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
        115                 120                 125

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
    130                 135                 140

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145                 150                 155                 160

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
                165                 170                 175
```

```
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
            180                 185                 190

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
        195                 200                 205

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
    210                 215                 220

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225                 230                 235                 240

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
                245                 250                 255

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
            260                 265                 270

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
        275                 280                 285

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
    290                 295                 300

Arg Val Thr Gly Ala Met
305                 310
```

<210> 63
<211> 933
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 63

```
atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg      48
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1               5                   10                  15

agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag      96
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
            20                  25                  30

tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg     144
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
        35                  40                  45

gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gtg     192
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
    50                  55                  60

gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg     240
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
```

```
65                  70                  75                  80

gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt      288
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
                85                  90                  95

gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg      336
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
            100                 105                 110

aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata      384
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
        115                 120                 125

gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt gga gac att      432
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
    130                 135                 140

tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc      480
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145                 150                 155                 160

tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac      528
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
                165                 170                 175

ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg      576
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
            180                 185                 190

ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat      624
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
        195                 200                 205

gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag      672
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
    210                 215                 220

gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa      720
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225                 230                 235                 240

cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag      768
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
                245                 250                 255

aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat      816
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
            260                 265                 270

ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct      864
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
        275                 280                 285

gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act      912
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
    290                 295                 300

cgt gtt act ggt gcc atg tag                                         933
Arg Val Thr Gly Ala Met
305                 310
```

<210> 64
<211> 310
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 64

```
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1               5                  10                  15

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
            20                  25                  30

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
        35                  40                  45

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
    50                  55                  60

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
65                  70                  75                  80

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
                85                  90                  95

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
            100                 105                 110

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
        115                 120                 125

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
    130                 135                 140

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145                 150                 155                 160

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
                165                 170                 175

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
            180                 185                 190

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
        195                 200                 205

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
    210                 215                 220

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225                 230                 235                 240

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
                245                 250                 255

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
            260                 265                 270
```

```
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
        275                 280                 285

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
    290                 295                 300

Arg Val Thr Gly Ala Met
305                 310
```

<210> 65
<211> 825
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium aureum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(825)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 65

```
atg acg agc aac atg agc gcg tgg ggc gtc gcc gtc gac cag acg cag       48
Met Thr Ser Asn Met Ser Ala Trp Gly Val Ala Val Asp Gln Thr Gln
1               5                   10                  15

cag gtc gtc gac cag atc atg ggc ggc gcc gag ccg tac aag ctg aca       96
Gln Val Val Asp Gln Ile Met Gly Gly Ala Glu Pro Tyr Lys Leu Thr
            20                  25                  30

gaa ggg cgc atg acg aac gtc gag acg atg ctg gcg atc gag tgc ggc      144
Glu Gly Arg Met Thr Asn Val Glu Thr Met Leu Ala Ile Glu Cys Gly
        35                  40                  45

tac gcc gcc atg ctg ctg ttc ctg acc ccg atc atg aag cag gcc gag      192
Tyr Ala Ala Met Leu Leu Phe Leu Thr Pro Ile Met Lys Gln Ala Glu
    50                  55                  60

aag ccc ttc gag ctc aag tcc ttc aag ctc gcc cac aac ctg ttc ctg      240
Lys Pro Phe Glu Leu Lys Ser Phe Lys Leu Ala His Asn Leu Phe Leu
65                  70                  75                  80

ttc gtc ctg tcc gcc tac atg tgc ctc gag acc gtc cgc cag gcc tac      288
Phe Val Leu Ser Ala Tyr Met Cys Leu Glu Thr Val Arg Gln Ala Tyr
                85                  90                  95

ctt gcg ggc tac tcg gtg ttc ggc aac gac atg gag aag ggc agc gag      336
Leu Ala Gly Tyr Ser Val Phe Gly Asn Asp Met Glu Lys Gly Ser Glu
            100                 105                 110

ccg cac gcg cac ggc atg gcc caa atc gtg tgg atc ttt tac gtg tcc      384
Pro His Ala His Gly Met Ala Gln Ile Val Trp Ile Phe Tyr Val Ser
        115                 120                 125

aag gcg tac gag ttc gtg gac acg ctg atc atg atc ctg tgc aaa aag      432
Lys Ala Tyr Glu Phe Val Asp Thr Leu Ile Met Ile Leu Cys Lys Lys
    130                 135                 140

ttc aac cag gtc tcc gtc ctg cac gtg tac cac cac gcc acc atc ttt      480
Phe Asn Gln Val Ser Val Leu His Val Tyr His His Ala Thr Ile Phe
145                 150                 155                 160

gct atc tgg ttt atg atc gcc aag tac gcc ccg ggc ggc gac gca tac      528
Ala Ile Trp Phe Met Ile Ala Lys Tyr Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr
```

```
                165                 170                 175

ttt agc gtc atc ctg aac tcg ttc gtg cac acc gtc atg tac gcg tac      576
Phe Ser Val Ile Leu Asn Ser Phe Val His Thr Val Met Tyr Ala Tyr
            180                 185                 190

tac ttc ttc tcg tcg cag ggc ttc ggg ttc gtc aag ccg atc aag ccg      624
Tyr Phe Phe Ser Ser Gln Gly Phe Gly Phe Val Lys Pro Ile Lys Pro
        195                 200                 205

tac atc acc tcg ctg cag atg acg cag ttc atg gcg atg ctc gtg cag      672
Tyr Ile Thr Ser Leu Gln Met Thr Gln Phe Met Ala Met Leu Val Gln
    210                 215                 220

tcg ctg tac gac tac ctt tac ccg tgc gac tac ccg cag ggg ctc gtc      720
Ser Leu Tyr Asp Tyr Leu Tyr Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Gly Leu Val
225                 230                 235                 240

aag ctc ctc ggc gtg tac atg ctc acc ctg ctt gcg ctc ttc ggc aac      768
Lys Leu Leu Gly Val Tyr Met Leu Thr Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn
                245                 250                 255

ttt ttc gtg cag agc tac ctc aag aag tcg aac aag ccc aag gcc aag      816
Phe Phe Val Gln Ser Tyr Leu Lys Lys Ser Asn Lys Pro Lys Ala Lys
            260                 265                 270

tcg gcc taa                                                         825
Ser Ala
```

<210> 66
<211> 274
<212> PRT
<213> *Thraustochytrium* aureum

<400> 66

```
Met Thr Ser Asn Met Ser Ala Trp Gly Val Ala Val Asp Gln Thr Gln
1               5                   10                  15

Gln Val Val Asp Gln Ile Met Gly Gly Ala Glu Pro Tyr Lys Leu Thr
            20                  25                  30

Glu Gly Arg Met Thr Asn Val Glu Thr Met Leu Ala Ile Glu Cys Gly
        35                  40                  45

Tyr Ala Ala Met Leu Leu Phe Leu Thr Pro Ile Met Lys Gln Ala Glu
    50                  55                  60

Lys Pro Phe Glu Leu Lys Ser Phe Lys Leu Ala His Asn Leu Phe Leu
65                  70                  75                  80

Phe Val Leu Ser Ala Tyr Met Cys Leu Glu Thr Val Arg Gln Ala Tyr
                85                  90                  95

Leu Ala Gly Tyr Ser Val Phe Gly Asn Asp Met Glu Lys Gly Ser Glu
            100                 105                 110

Pro His Ala His Gly Met Ala Gln Ile Val Trp Ile Phe Tyr Val Ser
        115                 120                 125
```

```
Lys Ala Tyr Glu Phe Val Asp Thr Leu Ile Met Ile Leu Cys Lys Lys
    130                 135                 140

Phe Asn Gln Val Ser Val Leu His Val Tyr His His Ala Thr Ile Phe
145                 150                 155                 160

Ala Ile Trp Phe Met Ile Ala Lys Tyr Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr
                165                 170                 175

Phe Ser Val Ile Leu Asn Ser Phe Val His Thr Val Met Tyr Ala Tyr
            180                 185                 190

Tyr Phe Phe Ser Ser Gln Gly Phe Gly Phe Val Lys Pro Ile Lys Pro
        195                 200                 205

Tyr Ile Thr Ser Leu Gln Met Thr Gln Phe Met Ala Met Leu Val Gln
    210                 215                 220

Ser Leu Tyr Asp Tyr Leu Tyr Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Gly Leu Val
225                 230                 235                 240

Lys Leu Leu Gly Val Tyr Met Leu Thr Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn
                245                 250                 255

Phe Phe Val Gln Ser Tyr Leu Lys Lys Ser Asn Lys Pro Lys Ala Lys
            260                 265                 270

Ser Ala
```

<210> 67
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 67

```
atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac      48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1               5                   10                  15

gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc      96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg     144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga     192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
```

```
    50                  55                  60

ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg      240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg      288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca      336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg      384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

tgg ttg cac tac aac aac caa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc      432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat      480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg      528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg      576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc      624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa      672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac      720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg      768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg      816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg      864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa                903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 68
<211> 300
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 68

```
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1               5                  10                  15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

 Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

 Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 69
<211> 879
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 69

```
atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag        48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1               5                   10                  15

tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt        96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
            20                  25                  30

cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tcg agt acg gcg cat tta ccc gcc       144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
        35                  40                  45

att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc       192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
    50                  55                  60

aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa       240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65                  70                  75                  80

att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg       288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
                85                  90                  95

ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa       336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
            100                 105                 110

gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg       384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
        115                 120                 125

gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata       432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
    130                 135                 140

tac gag ttc gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg       480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145                 150                 155                 160

caa gta agt ttc cta cac att tat cac cac agc acg att tcc ttt att       528
Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
                165                 170                 175

tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt ggt gat gct tac ttc agc       576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
```

```
            180                 185                 190

gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta      624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
        195                 200                 205

tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt      672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
    210                 215                 220

tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc      720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225                 230                 235                 240

aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tcg ttc tct acg tat ccc aag      768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
                245                 250                 255

ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc ggc ttg      816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
            260                 265                 270

ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag      864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
        275                 280                 285

aaa aaa cag cag tga                                                  879
Lys Lys Gln Gln
    290
```

<210> 70
<211> 292
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 70

```
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1               5                   10                  15

Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
            20                  25                  30

Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
        35                  40                  45

Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
    50                  55                  60

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

Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
                85                  90                  95

Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
            100                 105                 110

Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
        115                 120                 125
```

```
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
 130                 135                 140

Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145                 150                 155                 160

Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
                165                 170                 175

Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
            180                 185                 190

Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
        195                 200                 205

Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
 210                 215                 220

Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225                 230                 235                 240

Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
                245                 250                 255

Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
            260                 265                 270

Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
        275                 280                 285

Lys Lys Gln Gln
 290
```

<210> 71
<211> 1362
<212> ADN
<213> *Primula farinosa*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1362)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 71

```
atg gct aac aaa tct cca cca aac ccc aaa aca ggt tac ata acc agc      48
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
1               5                   10                  15

tca gac ctg aaa tcc cac aac aag gca ggt gac cta tgg ata tca atc      96
Ser Asp Leu Lys Ser His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
            20                  25                  30

cac ggc caa gtc tac gac gtg tcc tct tgg gcc gcc ctt cat ccg ggg     144
His Gly Gln Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Ala Leu His Pro Gly
```

```
        35                  40                  45

ggc act gcc cct ctc atg gcc ctt gca gga cac gac gtg acc gat gct      192
Gly Thr Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
    50                  55                  60

ttc ctc gcg tac cat ccc cct tcc act gcc cgt ctc ctc cct cct ctc      240
Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65                  70                  75                  80

tct acc aac ctc ctt ctt caa aac cac tcc gtc tcc ccc acc tcc tca      288
Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
                85                  90                  95

gac tac cgc aaa ctc ctc gac aac ttc cat aaa cat ggc ctt ttc cgc      336
Asp Tyr Arg Lys Leu Leu Asp Asn Phe His Lys His Gly Leu Phe Arg
            100                 105                 110

gcc agg ggc cac act gct tac gcc acc ttc gtc ttc atg ata gcg atg      384
Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Phe Met Ile Ala Met
        115                 120                 125

ttt cta atg agc gtg act gga gtc ctt tgc agc gac agt gcg tgg gtc      432
Phe Leu Met Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
    130                 135                 140

cat ttg gct agc ggc gga gca atg ggg ttc gcc tgg atc caa tgc gga      480
His Leu Ala Ser Gly Gly Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
145                 150                 155                 160

tgg ata ggt cac gac tct ggg cat tac cgg att atg tct gac agg aaa      528
Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
                165                 170                 175

tgg aac tgg ttc gcg caa atc cta agc aca aac tgc ctc cag ggg att      576
Trp Asn Trp Phe Ala Gln Ile Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile
            180                 185                 190

agt atc ggg tgg tgg aag tgg aac cat aat gcg cac cac atc gct tgc      624
Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys
        195                 200                 205

aat agc ctg gat tac gac ccc gac ctc cag tat atc cct ttg ctc gtc      672
Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val
    210                 215                 220

gtc tcc ccc aag ttc ttc aac tcc ctt act tct cgt ttc tac gac aag      720
Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys
225                 230                 235                 240

aag ctg aac ttc gac ggc gtg tcg agg ttc ctg gtt tgc tac cag cac      768
Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His
                245                 250                 255

tgg acg ttt tat ccg gtc atg tgt gtc gct agg ctg aac atg ctc gcg      816
Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Leu Ala
            260                 265                 270

cag tca ttt ata acg ctt ttc tcg agt agg gag gtg tgc cat agg gcg      864
Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Cys His Arg Ala
        275                 280                 285

caa gag gtt ttc gga ctt gcc gtg ttt tgg gtt tgg ttt ccg ctt tta      912
Gln Glu Val Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu
    290                 295                 300

ctt tct tgt tta cct aat tgg ggc gag agg att atg ttt ttg ctt gcg      960
Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala
```

```
305                 310                 315                 320

agc tat tcc gtt acg ggg ata caa cac gtg cag ttc agc ttg aac cat     1008
Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
                325                 330                 335

ttt tct tcg gac gtc tat gtg ggc ccg cca gta ggt aat gac tgg ttc     1056
Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Gly Asn Asp Trp Phe
            340                 345                 350

aag aaa cag act gcc ggg aca ctt aac ata tcg tgc ccg gcg tgg atg     1104
Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
        355                 360                 365

gat tgg ttc cat ggc ggg tta cag ttt cag gtc gag cac cac ttg ttt     1152
Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
    370                 375                 380

ccg cgg atg cct agg ggt cag ttt agg aag att tct cct ttt gtg agg     1200
Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
385                 390                 395                 400

gat ttg tgt aag aaa cac aac ttg cct tac aat atc gcg tct ttt act     1248
Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
                405                 410                 415

aaa gcg aat gtg ttt acg ctt aag acg ctg aga aat acg gcc att gag     1296
Lys Ala Asn Val Phe Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
            420                 425                 430

gct cgg gac ctc tct aat ccg ctc cca aag aat atg gtg tgg gaa gct     1344
Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Leu Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
        435                 440                 445

ctt aaa act ctc ggg tga                                            1362
Leu Lys Thr Leu Gly
    450
```

<210> 72
<211> 453
<212> PRT
<213> *Primula farinosa*

<400> 72

```
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
1               5                   10                  15

Ser Asp Leu Lys Ser His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
            20                  25                  30

His Gly Gln Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Ala Leu His Pro Gly
        35                  40                  45

Gly Thr Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
    50                  55                  60

Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65                  70                  75                  80

Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
                85                  90                  95
```

```
Asp Tyr Arg Lys Leu Leu Asp Asn Phe His Lys His Gly Leu Phe Arg
            100                 105                 110

Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Phe Met Ile Ala Met
        115                 120                 125

Phe Leu Met Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
    130                 135                 140

His Leu Ala Ser Gly Gly Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
145                 150                 155                 160

Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
                165                 170                 175

Trp Asn Trp Phe Ala Gln Ile Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile
            180                 185                 190

Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys
        195                 200                 205

Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val
    210                 215                 220

Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys
225                 230                 235                 240

Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His
                245                 250                 255

Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Leu Ala
            260                 265                 270

Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Cys His Arg Ala
        275                 280                 285

Gln Glu Val Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu
    290                 295                 300

Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala
305                 310                 315                 320

Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
                325                 330                 335

Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Gly Asn Asp Trp Phe
            340                 345                 350

Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
        355                 360                 365
```

```
Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
370                 375                 380

Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
385                 390                 395                 400

Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
                405                 410                 415

Lys Ala Asn Val Phe Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
            420                 425                 430

Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Leu Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
        435                 440                 445

Leu Lys Thr Leu Gly
    450
```

<210> 73
<211> 1362
<212> ADN
<213> *Primula vialii*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1362)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 73

```
atg gct aac aaa tct cca cca aac ccc aaa aca ggt tac att acc agc      48
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
1               5                   10                  15

tca gac ctg aaa ggg cac aac aaa gca gga gac cta tgg ata tca atc      96
Ser Asp Leu Lys Gly His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
            20                  25                  30

cac ggg gag gta tac gac gtg tcc tcg tgg gcc ggc ctt cac ccg ggg     144
His Gly Glu Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Gly Leu His Pro Gly
        35                  40                  45

ggc agt gcc ccc ctc atg gcc ctc gca gga cac gac gta acc gac gct     192
Gly Ser Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
    50                  55                  60

ttt cta gcg tat cat cct cct tct acc gcc cgc ctc ctc cct ccc ctc     240
Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65                  70                  75                  80

tcc acc aac ctc ctc ctt caa aac cac tcc gtc tcc ccc acc tcc tct     288
Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
                85                  90                  95

gac tac cgc aaa ctc ctc cac aac ttc cat aaa atc ggt acg ttc cgc     336
Asp Tyr Arg Lys Leu Leu His Asn Phe His Lys Ile Gly Met Phe Arg
            100                 105                 110

gcc agg ggc cac act gct tac gcc ccc ttc gtc atc atg ata gtg atg     384
Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Ile Met Ile Val Met
```

```
        115                 120                 125

ttt cta acg agc gtg acc gga gtc ctt tgc agc gac agt gcg tgg gtc      432
Phe Leu Thr Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
    130                 135                 140

cat ctg gct agc ggc gca gca atg ggg ttc gcc tgg atc cag tgc gga      480
His Leu Ala Ser Gly Ala Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
145                 150                 155                 160

tgg ata ggt cac gac tct ggg cat tac cgg att atg tct gac agg aaa      528
Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
                165                 170                 175

tgg aac tgg ttc gcg cag gtc ctg agc aca aac tgc ctc cag ggg atc      576
Trp Asn Trp Phe Ala Gln Val Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile
            180                 185                 190

agt atc ggg tgg tgg aag tgg aac cat aac gcc cac cac att gct tgc      624
Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys
        195                 200                 205

aat agc ctg gac tac gac ccc gac ctc cag tat atc cct ttg ctc gtg      672
Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val
    210                 215                 220

gtc tcc ccc aag ttc ttc aac tcc ctt act tct cgt ttc tac gac aag      720
Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys
225                 230                 235                 240

aag ctg aat ttc gac ggc gtg tca agg ttt ctg gtt tgc tac cag cac      768
Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His
                245                 250                 255

tgg acg ttt tat cca gtc atg tgt gtc gct agg cta aac atg atc gca      816
Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Ile Ala
            260                 265                 270

cag tcg ttt ata acg ctt ttc tcg agc agg gag gtg ggt cat agg gcg      864
Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Gly His Arg Ala
        275                 280                 285

caa gag att ttc gga ctt gct gtg ttt tgg gtt tgg ttt ccg ctc ctg      912
Gln Glu Ile Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu
    290                 295                 300

ctc tct tgc tta cct aat tgg agc gag agg att atg ttt ctg cta gcg      960
Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Ser Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala
305                 310                 315                 320

agc tat tcc gtt acg ggg ata cag cac gtg cag ttc agc ttg aac cat     1008
Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
                325                 330                 335

ttt tct tcg gac gtc tac gtg ggc ccg cca gta gct aac gac tgg ttc     1056
Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Ala Asn Asp Trp Phe
            340                 345                 350

aag aaa cag act gct ggg aca ctt aac ata tcg tgc ccg gcg tgg atg     1104
Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
        355                 360                 365

gac tgg ttc cat ggc ggg ttg cag ttt cag gtc gag cac cac ttg ttt     1152
Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
    370                 375                 380

ccg cgg atg cct agg ggt cag ttt agg aag att tct cct ttt gtg agg     1200
Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
```

```
385                 390                 395                 400

gat ttg tgt aag aaa cac aac ttg cct tac aat atc gcg tct ttt act     1248
Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
                405                 410                 415

aaa gca aac gtg ttg acg ctt aag acg ctg aga aat acg gcc att gag     1296
Lys Ala Asn Val Leu Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
            420                 425                 430

gct cgg gac ctc tct aat ccg acc cca aag aat atg gtg tgg gaa gcc     1344
Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Thr Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
        435                 440                 445

gtc cac aca cac ggc tag                                            1362
Val His Thr His Gly
    450
```

<210> 74
<211> 453
<212> PRT
<213> *Primula vialii*

<400> 74

```
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
1               5                   10                  15

Ser Asp Leu Lys Gly His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
            20                  25                  30

His Gly Glu Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Gly Leu His Pro Gly
        35                  40                  45

Gly Ser Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
    50                  55                  60

Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65                  70                  75                  80

Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
                85                  90                  95

Asp Tyr Arg Lys Leu Leu His Asn Phe His Lys Ile Gly Met Phe Arg
            100                 105                 110

Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Ile Met Ile Val Met
        115                 120                 125

Phe Leu Thr Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
    130                 135                 140

His Leu Ala Ser Gly Ala Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
145                 150                 155                 160

Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
                165                 170                 175
```

```
Trp Asn Trp Phe Ala Gln Val Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile
            180                 185                 190

Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys
        195                 200                 205

Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val
    210                 215                 220

Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys
225                 230                 235                 240

Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His
                245                 250                 255

Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Ile Ala
            260                 265                 270

Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Gly His Arg Ala
        275                 280                 285

Gln Glu Ile Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu
    290                 295                 300

Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Ser Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala
305                 310                 315                 320

Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
                325                 330                 335

Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Ala Asn Asp Trp Phe
            340                 345                 350

Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
        355                 360                 365

Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
    370                 375                 380

Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
385                 390                 395                 400

Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
                405                 410                 415

Lys Ala Asn Val Leu Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
            420                 425                 430

Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Thr Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
        435                 440                 445

Val His Thr His Gly
    450
```

<210> 75
<211> 903

<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 75

```
atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg tcc gcc gcg tac      48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr
1               5                  10                  15

gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc      96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg     144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga     192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg     240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg     288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca     336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg     384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc     432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat     480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg     528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg     576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc     624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
```

```
          195                 200                 205

att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa      672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac      720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg      768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg      816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg      864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa                  903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 76
<211> 300
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 76

```
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr
1               5                   10                  15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140
```

```
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 77
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 77

```
atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac      48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1               5                   10                  15

gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc      96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg     144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga     192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
```

```
    50                  55                  60

ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg      240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg      288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca      336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg      384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc      432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat      480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg      528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg      576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc      624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa      672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac      720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg      768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg      816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg      864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa                903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 78
<211> 300
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 78

```
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1               5                  10                  15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270
```

```
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 79
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 79

```
atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg tcc gcc gcg tac       48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr
1               5                  10                  15

gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc       96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg      144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga      192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg      240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg      288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca      336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg      384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

tgg ttg cac tac aac aac caa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc      432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat      480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg      528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg      576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
```

```
                180                 185                 190

ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc      624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa      672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac      720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg      768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg      816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg      864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa                  903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 80
<211> 300
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 80

```
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr
1               5                   10                  15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125
```

```
Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 81
<211> 879
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 81

```
atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag      48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1               5                   10                  15

tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt      96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
            20                  25                  30

cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tcg agt acg gcg cat tta ccc gcc     144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
```

```
        35                  40                  45

att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc      192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
    50                  55                  60

aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa      240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65                  70                  75                  80

att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg      288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
                85                  90                  95

ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa      336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
            100                 105                 110

gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg      384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
        115                 120                 125

gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata      432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
    130                 135                 140

tac gag ttt gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg      480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145                 150                 155                 160

caa gta aga ttc cta cac act tat cac cac agc acg att tcc ttt att      528
Gln Val Arg Phe Leu His Thr Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
                165                 170                 175

tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt ggt gat gct tac ttc agc      576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
            180                 185                 190

gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta      624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
        195                 200                 205

tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt      672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
    210                 215                 220

tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc      720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225                 230                 235                 240

aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tcg ttc tct acg tat ccc aag      768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
                245                 250                 255

ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc ggc ttg      816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
            260                 265                 270

ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag      864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
        275                 280                 285

aaa aaa cag cag tga                                                 879
Lys Lys Gln Gln
    290
```

<210> 82
<211> 292
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 82

```
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1               5                  10                  15

Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
            20                  25                  30

Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
        35                  40                  45

Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
    50                  55                  60

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

Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
                85                  90                  95

Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
            100                 105                 110

Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
        115                 120                 125

Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
    130                 135                 140

Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145                 150                 155                 160

Gln Val Arg Phe Leu His Thr Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
                165                 170                 175

Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
            180                 185                 190

Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
        195                 200                 205

Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
    210                 215                 220

Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225                 230                 235                 240

Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
                245                 250                 255
```

```
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
            260                 265                 270

Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
        275                 280                 285

Lys Lys Gln Gln
    290
```

<210> 83
<211> 831
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium* sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(831)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 83

```
atg gac gtc gtc gag cag caa tgg cgc cgc ttc gtg gac gcc gtg gac      48
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
1               5                  10                  15

aac gga atc gtg gag ttc atg gag cat gag aag ccc aac aag ctg aac      96
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Lys Pro Asn Lys Leu Asn
            20                  25                  30

gag ggc aag ctc ttc acc tcg acc gag gag atg atg gcg ctt atc gtc     144
Glu Gly Lys Leu Phe Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
        35                  40                  45

ggc tac ctg gcg ttc gtg gtc ctc ggg tcc gcc ttc atg aag gcc ttt     192
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe
    50                  55                  60

gtc gat aag cct ttc gag ctc aag ttc ctc aag ctc gtg cac aac atc     240
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile
65                  70                  75                  80

ttc ctc acc ggt ctg tcc atg tac atg gcc acc gag tgc gcg cgc cag     288
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln
                85                  90                  95

gca tac ctc ggc ggc tac aag ctc ttt ggc aac ccg atg gag aag ggc     336
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly
            100                 105                 110

acc gag tcg cac gcc ccg ggc atg gcc aac atc atc tac atc ttc tac     384
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr
        115                 120                 125

gtg agc aag ttc ctc gaa ttc ctc gac acc gtc ttc atg atc ctc ggc     432
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly
    130                 135                 140

aag aag tgg aag cag ctc agc ttt ctc cac gtc tac cac cac gcg agc     480
Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser
145                 150                 155                 160

atc agc ttc atc tgg ggc atc atc gcc cgc ttc gcg ccc ggt ggc gac     528
Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp
```

```
                    165                 170                 175

gcc tac ttc tct acc atc ctc aac agc agc gtg cat gtc gtg ctc tac      576
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr
                180                 185                 190

ggc tac tac gcc tcg acc acc ctc ggc tac acc ttc atg cgc ccg ctg      624
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu
        195                 200                 205

cgc ccg tac att acc acc att cag ctc acg cag ttc atg gcc atg gtc      672
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val
    210                 215                 220

gtc cag tcc gtc tat gac tac tac aac ccc tgc gac tac ccg cag ccc      720
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro
225                 230                 235                 240

ctc gtc aag ctg ctc ttc tgg tac atg ctc acc atg ctc ggc ctc ttc      768
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe
                245                 250                 255

ggc aac ttc ttc gtg cag cag tac ctc aag ccc aag gcg ccc aag aag      816
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys
            260                 265                 270

cag aag acc atc taa                                                 831
Gln Lys Thr Ile
        275
```

<210> 84
<211> 276
<212> PRT
<213> *Thraustochytrium* sp.

<400> 84

```
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
1               5                   10                  15

Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Lys Pro Asn Lys Leu Asn
            20                  25                  30

Glu Gly Lys Leu Phe Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
        35                  40                  45

Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe
    50                  55                  60

Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile
65                  70                  75                  80

Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln
                85                  90                  95

Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly
            100                 105                 110

Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr
        115                 120                 125
```

```
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly
    130                 135                 140

Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser
145                 150                 155                 160

Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp
                165                 170                 175

Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr
            180                 185                 190

Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu
        195                 200                 205

Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val
    210                 215                 220

Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro
225                 230                 235                 240

Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe
                245                 250                 255

Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys
            260                 265                 270

Gln Lys Thr Ile
        275
```

<210> 85
<211> 1077
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1077)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 85

```
atg tgc tca cca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca      48
Met Cys Ser Pro Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
1               5                   10                  15

cgg tac acc acc gcc gcc ctc ctc ctc ctc acc ctc aca acg tgg tgc      96
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
            20                  25                  30

cac ttc gcc ttc cca gcc gcc acc gcc aca ccc ggc ctc acc gcc gaa     144
His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
        35                  40                  45

atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg     192
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
```

```
    50                  55                  60

agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag      240
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
65                  70                  75                  80

tat gat atg aag tca ctc ctg acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg      288
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
                85                  90                  95

gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg      336
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
            100                 105                 110

gtg atg aat aga gac cat cct ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg      384
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
        115                 120                 125

gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt      432
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
    130                 135                 140

gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg      480
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
145                 150                 155                 160

aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata      528
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
                165                 170                 175

gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggc gga gac att      576
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
            180                 185                 190

tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc      624
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
        195                 200                 205

tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac      672
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
    210                 215                 220

ttg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg      720
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
225                 230                 235                 240

ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat      768
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
                245                 250                 255

gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag      816
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
            260                 265                 270

gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa      864
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
        275                 280                 285

cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag      912
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
    290                 295                 300

aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat      960
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
305                 310                 315                 320

ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct     1008
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
```

```
                    325                 330                 335

gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act      1056
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
            340                 345                 350

cgt gtt act ggt gcc atg tag                                      1077
Arg Val Thr Gly Ala Met
        355
```

<210> 86
<211> 358
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 86

```
Met Cys Ser Pro Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
1               5                   10                  15

Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
            20                  25                  30

His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
        35                  40                  45

Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
    50                  55                  60

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
65                  70                  75                  80

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
                85                  90                  95

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
            100                 105                 110

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
        115                 120                 125

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
    130                 135                 140

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
145                 150                 155                 160

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
                165                 170                 175

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
            180                 185                 190

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
        195                 200                 205
```

```
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
    210                 215                 220

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
225                 230                 235                 240

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
                245                 250                 255

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
            260                 265                 270

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
        275                 280                 285

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
    290                 295                 300

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
305                 310                 315                 320

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
                325                 330                 335

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
            340                 345                 350

Arg Val Thr Gly Ala Met
        355
```

<210> 87
<211> 1086
<212> ADN
<213> *Phytophthora infestans*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1086)
<223> Omega-3-Desaturasa

<400> 87

```
atg gcg acg aag gag gcg tat gtg ttc ccc act ctg acg gag atc aag      48
Met Ala Thr Lys Glu Ala Tyr Val Phe Pro Thr Leu Thr Glu Ile Lys
1               5                   10                  15

cgg tcg cta cct aaa gac tgt ttc gag gct tcg gtg cct ctg tcg ctc      96
Arg Ser Leu Pro Lys Asp Cys Phe Glu Ala Ser Val Pro Leu Ser Leu
            20                  25                  30

tac tac acc gtg cgt tgt ctg gtg atc gcg gtg gct cta acc ttc ggt     144
Tyr Tyr Thr Val Arg Cys Leu Val Ile Ala Val Ala Leu Thr Phe Gly
        35                  40                  45

ctc aac tac gct cgc gct ctg ccc gag gtc gag agc ttc tgg gct ctg     192
Leu Asn Tyr Ala Arg Ala Leu Pro Glu Val Glu Ser Phe Trp Ala Leu
```

```
    50                  55                  60

gac gcc gca ctc tgc acg ggc tac atc ttg ctg cag ggc atc gtg ttc      240
Asp Ala Ala Leu Cys Thr Gly Tyr Ile Leu Leu Gln Gly Ile Val Phe
65                  70                  75                  80

tgg ggc ttc ttc acg gtg ggc cac gat gcc ggc cac ggc gcc ttc tcg      288
Trp Gly Phe Phe Thr Val Gly His Asp Ala Gly His Gly Ala Phe Ser
                85                  90                  95

cgc tac cac ctg ctt aac ttc gtg gtg ggc act ttc atg cac tcg ctc      336
Arg Tyr His Leu Leu Asn Phe Val Val Gly Thr Phe Met His Ser Leu
            100                 105                 110

atc ctc acg ccc ttc gag tcg tgg aag ctc acg cac cgt cac cac cac      384
Ile Leu Thr Pro Phe Glu Ser Trp Lys Leu Thr His Arg His His His
        115                 120                 125

aag aac acg ggc aac att gac cgt gac gag gtc ttc tac ccg caa cgc      432
Lys Asn Thr Gly Asn Ile Asp Arg Asp Glu Val Phe Tyr Pro Gln Arg
    130                 135                 140

aag gcc gac gac cac ccg ctg tct cgc aac ctg att ctg gcg ctc ggg      480
Lys Ala Asp Asp His Pro Leu Ser Arg Asn Leu Ile Leu Ala Leu Gly
145                 150                 155                 160

gca gcg tgg ctc gcc tat ttg gtc gag ggc ttc cct cct cgt aag gtc      528
Ala Ala Trp Leu Ala Tyr Leu Val Glu Gly Phe Pro Pro Arg Lys Val
                165                 170                 175

aac cac ttc aac ccg ttc gag cct ctg ttc gtg cgt cag gtg tca gct      576
Asn His Phe Asn Pro Phe Glu Pro Leu Phe Val Arg Gln Val Ser Ala
            180                 185                 190

gtg gta atc tct ctt ctc gcc cac ttc ttc gtg gcc gga ctc tcc atc      624
Val Val Ile Ser Leu Leu Ala His Phe Phe Val Ala Gly Leu Ser Ile
        195                 200                 205

tat ctg agc ctc cag ctg ggc ctt aag acg atg gca atc tac tac tat      672
Tyr Leu Ser Leu Gln Leu Gly Leu Lys Thr Met Ala Ile Tyr Tyr Tyr
    210                 215                 220

gga cct gtt ttt gtg ttc ggc agc atg ctg gtc att acc acc ttc cta      720
Gly Pro Val Phe Val Phe Gly Ser Met Leu Val Ile Thr Thr Phe Leu
225                 230                 235                 240

cac cac aat gat gag gag acc cca tgg tac gcc gac tcg gag tgg acg      768
His His Asn Asp Glu Glu Thr Pro Trp Tyr Ala Asp Ser Glu Trp Thr
                245                 250                 255

tac gtc aag ggc aac ctc tcg tcc gtg gac cga tcg tac ggc gcg ctc      816
Tyr Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser Tyr Gly Ala Leu
            260                 265                 270

att gac aac ctg agc cac aac atc ggc acg cac cag atc cac cac ctt      864
Ile Asp Asn Leu Ser His Asn Ile Gly Thr His Gln Ile His His Leu
        275                 280                 285

ttc cct atc att ccg cac tac aaa ctc aag aaa gcc act gcg gcc ttc      912
Phe Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys Leu Lys Lys Ala Thr Ala Ala Phe
    290                 295                 300

cac cag gct ttc cct gag ctc gtg cgc aag agc gac gag cca att atc      960
His Gln Ala Phe Pro Glu Leu Val Arg Lys Ser Asp Glu Pro Ile Ile
305                 310                 315                 320

aag gct ttc ttc cgg gtt gga cgt ctc tac gca aac tac ggc gtt gtg     1008
Lys Ala Phe Phe Arg Val Gly Arg Leu Tyr Ala Asn Tyr Gly Val Val
```

```
                    325                 330                 335

gac cag gag gcg aag ctc ttc acg cta aag gaa gcc aag gcg gcg acc      1056
Asp Gln Glu Ala Lys Leu Phe Thr Leu Lys Glu Ala Lys Ala Ala Thr
            340                 345                 350

gag gcg gcg gcc aag acc aag tcc acg taa                              1086
Glu Ala Ala Ala Lys Thr Lys Ser Thr
        355                 360
```

<210> 88
<211> 361
<212> PRT
<213> *Phytophthora infestans*

<400> 88

```
Met Ala Thr Lys Glu Ala Tyr Val Phe Pro Thr Leu Thr Glu Ile Lys
1               5                   10                  15

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

Tyr Tyr Thr Val Arg Cys Leu Val Ile Ala Val Ala Leu Thr Phe Gly
        35                  40                  45

Leu Asn Tyr Ala Arg Ala Leu Pro Glu Val Glu Ser Phe Trp Ala Leu
    50                  55                  60

Asp Ala Ala Leu Cys Thr Gly Tyr Ile Leu Leu Gln Gly Ile Val Phe
65                  70                  75                  80

Trp Gly Phe Phe Thr Val Gly His Asp Ala Gly His Gly Ala Phe Ser
                85                  90                  95

Arg Tyr His Leu Leu Asn Phe Val Val Gly Thr Phe Met His Ser Leu
            100                 105                 110

Ile Leu Thr Pro Phe Glu Ser Trp Lys Leu Thr His Arg His His His
        115                 120                 125

Lys Asn Thr Gly Asn Ile Asp Arg Asp Glu Val Phe Tyr Pro Gln Arg
    130                 135                 140

Lys Ala Asp Asp His Pro Leu Ser Arg Asn Leu Ile Leu Ala Leu Gly
145                 150                 155                 160

Ala Ala Trp Leu Ala Tyr Leu Val Glu Gly Phe Pro Pro Arg Lys Val
                165                 170                 175

Asn His Phe Asn Pro Phe Glu Pro Leu Phe Val Arg Gln Val Ser Ala
            180                 185                 190

Val Val Ile Ser Leu Leu Ala His Phe Phe Val Ala Gly Leu Ser Ile
        195                 200                 205
```

```
Tyr Leu Ser Leu Gln Leu Gly Leu Lys Thr Met Ala Ile Tyr Tyr Tyr
 210                 215                 220

Gly Pro Val Phe Val Phe Gly Ser Met Leu Val Ile Thr Thr Phe Leu
225                 230                 235                 240

His His Asn Asp Glu Glu Thr Pro Trp Tyr Ala Asp Ser Glu Trp Thr
                245                 250                 255

Tyr Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser Tyr Gly Ala Leu
            260                 265                 270

Ile Asp Asn Leu Ser His Asn Ile Gly Thr His Gln Ile His His Leu
        275                 280                 285

Phe Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys Leu Lys Lys Ala Thr Ala Ala Phe
    290                 295                 300

His Gln Ala Phe Pro Glu Leu Val Arg Lys Ser Asp Glu Pro Ile Ile
305                 310                 315                 320

Lys Ala Phe Phe Arg Val Gly Arg Leu Tyr Ala Asn Tyr Gly Val Val
                325                 330                 335

Asp Gln Glu Ala Lys Leu Phe Thr Leu Lys Glu Ala Lys Ala Ala Thr
            340                 345                 350

Glu Ala Ala Ala Lys Thr Lys Ser Thr
        355                 360
```

<210> 89
<211> 1371
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1371)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 89

```
atg tgc gtg gag acg gaa aat aac gat ggg atc ccc acg gtg gag atc      48
Met Cys Val Glu Thr Glu Asn Asn Asp Gly Ile Pro Thr Val Glu Ile
1               5                  10                  15

gcg ttc gac ggt gag cgc gag cgg gcg gag gca aac gtg aag ctg tcc      96
Ala Phe Asp Gly Glu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Asn Val Lys Leu Ser
            20                  25                  30

gcg gag aag atg gag ccg gcg gcg ctg gcg aag acg ttc gcg agg cgg     144
Ala Glu Lys Met Glu Pro Ala Ala Leu Ala Lys Thr Phe Ala Arg Arg
        35                  40                  45

tac gtc gtg atc gag ggg gtg gag tac gat gtg acg gat ttt aag cac     192
Tyr Val Val Ile Glu Gly Val Glu Tyr Asp Val Thr Asp Phe Lys His
```

```
    50                  55                  60

ccg gga gga acg gtt att ttc tat gcg ttg tca aac acc ggg gcg gac      240
Pro Gly Gly Thr Val Ile Phe Tyr Ala Leu Ser Asn Thr Gly Ala Asp
65                  70                  75                  80

gcg acg gaa gcg ttc aag gag ttt cat cat cgg tcg aga aag gcg agg      288
Ala Thr Glu Ala Phe Lys Glu Phe His His Arg Ser Arg Lys Ala Arg
                85                  90                  95

aaa gcc ttg gcg gcg ctc ccg tct cga ccg gcc aag acg gcc aag gtg      336
Lys Ala Leu Ala Ala Leu Pro Ser Arg Pro Ala Lys Thr Ala Lys Val
            100                 105                 110

gac gac gcg gag atg ctc caa gat ttc gcc aag tgg cgg aaa gaa ttg      384
Asp Asp Ala Glu Met Leu Gln Asp Phe Ala Lys Trp Arg Lys Glu Leu
        115                 120                 125

gag aga gat gga ttc ttc aag ccc tct ccg gcg cac gtg gcg tat cgc      432
Glu Arg Asp Gly Phe Phe Lys Pro Ser Pro Ala His Val Ala Tyr Arg
    130                 135                 140

ttc gcc gag ctc gcg gcg atg tac gct ctc ggg acg tac ctg atg tac      480
Phe Ala Glu Leu Ala Ala Met Tyr Ala Leu Gly Thr Tyr Leu Met Tyr
145                 150                 155                 160

gct cga tac gtc gtc tcc tcg gtg ctc gtg tac gct tgc ttt ttc ggc      528
Ala Arg Tyr Val Val Ser Ser Val Leu Val Tyr Ala Cya Phe Phe Gly
                165                 170                 175

gcc cga tgc ggt tgg gtg cag cac gag ggc gga cac agc tcg ctg acg      576
Ala Arg Cya Gly Trp Val Gln His Glu Gly Gly His Ser Ser Leu Thr
            180                 185                 190

ggc aac att tgg tgg gac aag cgc atc cag gcc ttc aca gcc ggg ttc      624
Gly Asn Ile Trp Trp Asp Lys Arg Ile Gln Ala Phe Thr Ala Gly Phe
        195                 200                 205

ggt ctc gcc ggt agc ggc gac atg tgg aac tcg atg cac aac aag cat      672
Gly Leu Ala Gly Ser Gly Asp Met Trp Asn Ser Met His Asn Lys His
    210                 215                 220

cac gcg acg cct caa aag gtt cgt cac gac atg gat ctg gac acc acc      720
His Ala Thr Pro Gln Lys Val Arg His Asp Met Asp Leu Asp Thr Thr
225                 230                 235                 240

ccc gcg gtg gcg ttc ttc aac acc gcg gtg gaa gcc aat cgt ccc cgt      768
Pro Ala Val Ala Phe Phe Asn Thr Ala Val Glu Asp Asn Arg Pro Arg
                245                 250                 255

ggc ttt agc aag tac tgg ttg cgc ctt cag gcg tgg acc ttc atc ccc      816
Gly Phe Ser Lys Tyr Trp Leu Arg Leu Gln Ala Trp Thr Phe Ile Pro
            260                 265                 270

gtg acg tcc ggc ttg gtg ctc ctt ttc tgg atg ttt ttc ctc cac ccc      864
Val Thr Ser Gly Leu Val Leu Leu Phe Trp Met Phe Phe Leu His Pro
        275                 280                 285

tcc aag gct ttg aag ggt ggc aag tac gaa gag ttg gtg tgg atg ctc      912
Ser Lys Ala Leu Lys Gly Gly Lys Tyr Glu Glu Leu Val Trp Met Leu
    290                 295                 300

gcc gcg cac gtc atc cgc acg tgg acg atc aag gcg gtg acc gga ttc      960
Ala Ala His Val Ile Arg Thr Trp Thr Ile Lys Ala Val Thr Gly Phe
305                 310                 315                 320

acc gcg atg cag tcc tac ggc tta ttt ttg gcg acg agc tgg gtg agc     1008
Thr Ala Met Gln Ser Tyr Gly Leu Phe Leu Ala Thr Ser Trp Val Ser
```

```
                    325                 330                 335

ggc tgc tat ctg ttt gca cac ttc tcc acg tcg cac acg cac ctg gat     1056
Gly Cys Tyr Leu Phe Ala His Phe Ser Thr Ser His Thr His Leu Asp
            340                 345                 350

gtg gtg ccc gcg gac gag cat ctc tcc tgg gtt cga tac gcc gtc gat     1104
Val Val Pro Ala Asp Glu His Leu Ser Trp Val Arg Tyr Ala Val Asp
        355                 360                 365

cac acg atc gac atc gat ccg agt caa ggt tgg gtg aac tgg ttg atg     1152
His Thr Ile Asp Ile Asp Pro Ser Gln Gly Trp Val Asn Trp Leu Met
    370                 375                 380

ggc tac ctc aac tgc caa gtc atc cac cac ctc ttt ccg agc atg ccg     1200
Gly Tyr Leu Asn Cys Gln Val Ile His His Leu Phe Pro Ser Met Pro
385                 390                 395                 400

cag ttc cgc cag ccc gag gta tct cgc cgc ttc gtc gcc ttt gcg aaa     1248
Gln Phe Arg Gln Pro Glu Val Ser Arg Arg Phe Val Ala Phe Ala Lys
                405                 410                 415

aag tgg aac ctc aac tac aag gtc atg acc tac gcc ggt gcg tgg aag     1296
Lys Trp Asn Leu Asn Tyr Lys Val Met Thr Tyr Ala Gly Ala Trp Lys
            420                 425                 430

gca acg ctc gga aac ctc gac aac gtg ggt aag cac tac tac gtg cac     1344
Ala Thr Leu Gly Asn Leu Asp Asn Val Gly Lys His Tyr Tyr Val His
        435                 440                 445

ggc caa cac tcc gga aag acg gcg taa                                1371
Gly Gln His Ser Gly Lys Thr Ala
    450                 455
```

<210> 90
<211> 456
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 90

```
Met Cys Val Glu Thr Glu Asn Asn Asp Gly Ile Pro Thr Val Glu Ile
1               5                   10                  15

Ala Phe Asp Gly Glu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Asn Val Lys Leu Ser
            20                  25                  30

Ala Glu Lys Met Glu Pro Ala Ala Leu Ala Lys Thr Phe Ala Arg Arg
        35                  40                  45

Tyr Val Val Ile Glu Gly Val Glu Tyr Asp Val Thr Asp Phe Lys His
    50                  55                  60

Pro Gly Gly Thr Val Ile Phe Tyr Ala Leu Ser Asn Thr Gly Ala Asp
65                  70                  75                  80

Ala Thr Glu Ala Phe Lys Glu Phe His His Arg Ser Arg Lys Ala Arg
                85                  90                  95

Lys Ala Leu Ala Ala Leu Pro Ser Arg Pro Ala Lys Thr Ala Lys Val
            100                 105                 110
```

```
Asp Asp Ala Glu Met Leu Gln Asp Phe Ala Lys Trp Arg Lys Glu Leu
        115                 120                 125

Glu Arg Asp Gly Phe Phe Lys Pro Ser Pro Ala His Val Ala Tyr Arg
    130                 135                 140

Phe Ala Glu Leu Ala Ala Met Tyr Ala Leu Gly Thr Tyr Leu Met Tyr
145                 150                 155                 160

Ala Arg Tyr Val Val Ser Ser Val Leu Val Tyr Ala Cys Phe Phe Gly
                165                 170                 175

Ala Arg Cys Gly Trp Val Gln His Glu Gly Gly His Ser Ser Leu Thr
            180                 185                 190

Gly Asn Ile Trp Trp Asp Lys Arg Ile Gln Ala Phe Thr Ala Gly Phe
        195                 200                 205

Gly Leu Ala Gly Ser Gly Asp Met Trp Asn Ser Met His Asn Lys His
    210                 215                 220

His Ala Thr Pro Gln Lys Val Arg His Asp Met Asp Leu Asp Thr Thr
225                 230                 235                 240

Pro Ala Val Ala Phe Phe Asn Thr Ala Val Glu Asp Asn Arg Pro Arg
                245                 250                 255

Gly Phe Ser Lys Tyr Trp Leu Arg Leu Gln Ala Trp Thr Phe Ile Pro
            260                 265                 270

Val Thr Ser Gly Leu Val Leu Leu Phe Trp Met Phe Phe Leu His Pro
        275                 280                 285

Ser Lys Ala Leu Lys Gly Gly Lys Tyr Glu Glu Leu Val Trp Met Leu
    290                 295                 300

Ala Ala His Val Ile Arg Thr Trp Thr Ile Lys Ala Val Thr Gly Phe
305                 310                 315                 320

Thr Ala Met Gln Ser Tyr Gly Leu Phe Leu Ala Thr Ser Trp Val Ser
                325                 330                 335

Gly Cys Tyr Leu Phe Ala His Phe Ser Thr Ser His Thr His Leu Asp
            340                 345                 350

Val Val Pro Ala Asp Glu His Leu Ser Trp Val Arg Tyr Ala Val Asp
        355                 360                 365

His Thr Ile Asp Ile Asp Pro Ser Gln Gly Trp Val Asn Trp Leu Met
    370                 375                 380
```

```
Gly Tyr Leu Asn Cys Gln Val Ile His His Leu Phe Pro Ser Met Pro
385                 390                 395                 400

Gln Phe Arg Gln Pro Glu Val Ser Arg Arg Phe Val Ala Phe Ala Lys
                405                 410                 415

Lys Trp Asn Leu Asn Tyr Lys Val Met Thr Tyr Ala Gly Ala Trp Lys
            420                 425                 430

Ala Thr Leu Gly Asn Leu Asp Asn Val Gly Lys His Tyr Tyr Val His
        435                 440                 445

Gly Gln His Ser Gly Lys Thr Ala
    450                 455
```

<210> 91
<211> 606
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(606)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 91

```
atg tac ggt ttg cta tcg ctc aag tcg tgc ttc gtc gac gat ttc aac      48
Met Tyr Gly Leu Leu Ser Leu Lys Ser Cys Phe Val Asp Asp Phe Asn
1               5                   10                  15

gcc tac ttc tcc gga cgc atc ggc tgg gtc aag gtg atg aag ttc acc      96
Ala Tyr Phe Ser Gly Arg Ile Gly Trp Val Lys Val Met Lys Phe Thr
            20                  25                  30

cgc ggc gag gcg atc gca ttt tgg ggc acc aag ctc ttg tgg gcc gcg     144
Arg Gly Glu Ala Ile Ala Phe Trp Gly Thr Lys Leu Leu Trp Ala Ala
        35                  40                  45

tat tac ctc gcg ttg ccg cta aag atg tcg cat cgg ccg ctc gga gaa     192
Tyr Tyr Leu Ala Leu Pro Leu Lys Met Ser His Arg Pro Leu Gly Glu
    50                  55                  60

ctc ctc gca ctc tgg gcc gtc acc gag ttc gtc acc gga tgg ctg ttg     240
Leu Leu Ala Leu Trp Ala Val Thr Glu Phe Val Thr Gly Trp Leu Leu
65                  70                  75                  80

gcg ttc atg ttc caa gtc gcc cac gtc gtc ggc gag gtt cac ttc ttc     288
Ala Phe Met Phe Gln Val Ala His Val Val Gly Glu Val His Phe Phe
                85                  90                  95

acc ctc gac gcg aag aac cgc gtg aac ttg gga tgg gga gag gca cag     336
Thr Leu Asp Ala Lys Asn Arg Val Asn Leu Gly Trp Gly Glu Ala Gln
            100                 105                 110

ctc atg tcg agc gcg gat ttc gcc cac gga tcc aag ttt tgg acg cac     384
Leu Met Ser Ser Ala Asp Phe Ala His Gly Ser Lys Phe Trp Thr His
        115                 120                 125

ttc tcc gga ggc tta aac tac caa gtc gtc cac cat ctc ttc ccg ggc     432
Phe Ser Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Val Val His His Leu Phe Pro Gly
```

```
    130                 135                 140

gtc tgc cac gtg cac tat ccc gcg ctc gcg cca att att aag gcg gca      480
Val Cys His Val His Tyr Pro Ala Leu Ala Pro Ile Ile Lys Ala Ala
145                 150                 155                 160

gct gag aag cac ggc ctc cac tac cag att tac ccc acg ttt tgg tcc      528
Ala Glu Lys His Gly Leu His Tyr Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Trp Ser
                165                 170                 175

gcc ctg cgc gcg cac ttc cgg cac ctc gcc aac gtc ggc cgc gcc gcg      576
Ala Leu Arg Ala His Phe Arg His Leu Ala Asn Val Gly Arg Ala Ala
            180                 185                 190

tac gta ccg tcc ctc caa acc gtc gga tga                             606
Tyr Val Pro Ser Leu Gln Thr Val Gly
        195                 200
```

<210> 92
<211> 201
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 92

```
Met Tyr Gly Leu Leu Ser Leu Lys Ser Cys Phe Val Asp Asp Phe Asn
1               5                   10                  15

Ala Tyr Phe Ser Gly Arg Ile Gly Trp Val Lys Val Met Lys Phe Thr
            20                  25                  30

Arg Gly Glu Ala Ile Ala Phe Trp Gly Thr Lys Leu Leu Trp Ala Ala
        35                  40                  45

Tyr Tyr Leu Ala Leu Pro Leu Lys Met Ser His Arg Pro Leu Gly Glu
    50                  55                  60

Leu Leu Ala Leu Trp Ala Val Thr Glu Phe Val Thr Gly Trp Leu Leu
65                  70                  75                  80

Ala Phe Met Phe Gln Val Ala His Val Val Gly Glu Val His Phe Phe
                85                  90                  95

Thr Leu Asp Ala Lys Asn Arg Val Asn Leu Gly Trp Gly Glu Ala Gln
            100                 105                 110

Leu Met Ser Ser Ala Asp Phe Ala His Gly Ser Lys Phe Trp Thr His
        115                 120                 125

Phe Ser Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Val Val His His Leu Phe Pro Gly
    130                 135                 140

Val Cys His Val His Tyr Pro Ala Leu Ala Pro Ile Ile Lys Ala Ala
145                 150                 155                 160

Ala Glu Lys His Gly Leu His Tyr Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Trp Ser
                165                 170                 175
```

```
Ala Leu Arg Ala His Phe Arg His Leu Ala Asn Val Gly Arg Ala Ala
            180                 185                 190

Tyr Val Pro Ser Leu Gln Thr Val Gly
        195                 200
```

<210> 93
<211> 714
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(714)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 93

```
atg gtg agc cat cac tcg tac tgt aac gac gcg gat ttg gat cag gat      48
Met Val Ser His His Ser Tyr Cys Asn Asp Ala Asp Leu Asp Gln Asp
1               5                   10                  15

gtg tac acc gca ctg ccg ctc ctg cgc ctg gac ccg tct cag gag ttg      96
Val Tyr Thr Ala Leu Pro Leu Leu Arg Leu Asp Pro Ser Gln Glu Leu
            20                  25                  30

aag tgg ttt cat cga tac cag gcg ttt tac gcc ccg ctc atg tgg ccg     144
Lys Trp Phe His Arg Tyr Gln Ala Phe Tyr Ala Pro Leu Met Trp Pro
        35                  40                  45

ttt ttg tgg ctc gcg gcg cag ttt ggc gac gcg cag aac atc ctg atc     192
Phe Leu Trp Leu Ala Ala Gln Phe Gly Asp Ala Gln Asn Ile Leu Ile
    50                  55                  60

gac cga gcg tcg ccg ggc gtc gcg tac aag gga ttg atg gcg aac gag     240
Asp Arg Ala Ser Pro Gly Val Ala Tyr Lys Gly Leu Met Ala Asn Glu
65                  70                  75                  80

gtc gcg ctg tac gtt ctc ggt aag gtt tta cac ttt ggt ctt ctc ctc     288
Val Ala Leu Tyr Val Leu Gly Lys Val Leu His Phe Gly Leu Leu Leu
                85                  90                  95

ggc gtt cct gcg tac ttg cac gga ttg tcc aac gcg atc gtt cca ttc     336
Gly Val Pro Ala Tyr Leu His Gly Leu Ser Asn Ala Ile Val Pro Phe
            100                 105                 110

ttg gcg tac ggc gca ttc ggc tcc ttc gtc ctg tgc tgg ttc ttc atc     384
Leu Ala Tyr Gly Ala Phe Gly Ser Phe Val Leu Cys Trp Phe Phe Ile
        115                 120                 125

gtc agc cat aac ctc gaa gcg ctg aca ccc gtt aac ctt aac aag tcc     432
Val Ser His Asn Leu Glu Ala Leu Thr Pro Val Asn Leu Asn Lys Ser
    130                 135                 140

acg aag aac gac tgg ggg gcg tgg cag atc gag aca tcg gcg tct tgg     480
Thr Lys Asn Asp Trp Gly Ala Trp Gln Ile Glu Thr Ser Ala Ser Trp
145                 150                 155                 160

ggc aac gcg ttc tgg agc ttc ttc tct gga ggt ctg aac ctg caa atc     528
Gly Asn Ala Phe Trp Ser Phe Phe Ser Gly Gly Leu Asn Leu Gln Ile
                165                 170                 175

gag cac cac ctc ttc ccg ggc atg gcg cac aac ctg tac ccg aag atg     576
Glu His His Leu Phe Pro Gly Met Ala His Asn Leu Tyr Pro Lys Met
```

```
                180                 185                 190

gtg ccg atc atc aag gac gag tgt gcg aaa gcg ggc gtt cgc tac acc      624
Val Pro Ile Ile Lys Asp Glu Cys Ala Lys Ala Gly Val Arg Tyr Thr
        195                 200                 205

ggt tac ggt ggc tac acc ggc ctg ctc ccg atc acc cgc gac atg ttc      672
Gly Tyr Gly Gly Tyr Thr Gly Leu Leu Pro Ile Thr Arg Asp Met Phe
    210                 215                 220

tcc tac ctc cat aag tgt ggc cga acg gcg aaa cta gcc taa               714
Ser Tyr Leu His Lys Cys Gly Arg Thr Ala Lys Leu Ala
225                 230                 235
```

<210> 94
<211> 237
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 94

```
Met Val Ser His His Ser Tyr Cys Asn Asp Ala Asp Leu Asp Gln Asp
1               5                   10                  15

Val Tyr Thr Ala Leu Pro Leu Leu Arg Leu Asp Pro Ser Gln Glu Leu
            20                  25                  30

Lys Trp Phe His Arg Tyr Gln Ala Phe Tyr Ala Pro Leu Met Trp Pro
        35                  40                  45

Phe Leu Trp Leu Ala Ala Gln Phe Gly Asp Ala Gln Asn Ile Leu Ile
    50                  55                  60

Asp Arg Ala Ser Pro Gly Val Ala Tyr Lys Gly Leu Met Ala Asn Glu
65                  70                  75                  80

Val Ala Leu Tyr Val Leu Gly Lys Val Leu His Phe Gly Leu Leu Leu
                85                  90                  95

Gly Val Pro Ala Tyr Leu His Gly Leu Ser Asn Ala Ile Val Pro Phe
            100                 105                 110

Leu Ala Tyr Gly Ala Phe Gly Ser Phe Val Leu Cys Trp Phe Phe Ile
        115                 120                 125

Val Ser His Asn Leu Glu Ala Leu Thr Pro Val Asn Leu Asn Lys Ser
    130                 135                 140

Thr Lys Asn Asp Trp Gly Ala Trp Gln Ile Glu Thr Ser Ala Ser Trp
145                 150                 155                 160

Gly Asn Ala Phe Trp Ser Phe Phe Ser Gly Gly Leu Asn Leu Gln Ile
                165                 170                 175

Glu His His Leu Phe Pro Gly Met Ala His Asn Leu Tyr Pro Lys Met
            180                 185                 190
```

```
Val Pro Ile Ile Lys Asp Glu Cys Ala Lys Ala Gly Val Arg Tyr Thr
          195                 200                 205

Gly Tyr Gly Gly Tyr Thr Gly Leu Leu Pro Ile Thr Arg Asp Met Phe
     210                 215                 220

Ser Tyr Leu His Lys Cys Gly Arg Thr Ala Lys Leu Ala
225                 230                 235
```

<210> 95
<211> 1611
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1611)
<223> Delta-4-Desaturasa

<400> 95

```
atg tac ctc gga cgc ggc cgt ctc gag agc ggg acg acg cga ggg atg      48
Met Tyr Leu Gly Arg Gly Arg Leu Glu Ser Gly Thr Thr Arg Gly Met
1               5                  10                  15

atg cgg acg cac gcg cgg cga ccg tcg acg acg tcg aat ccg tgc gcg      96
Met Arg Thr His Ala Arg Arg Pro Ser Thr Thr Ser Asn Pro Cys Ala
            20                  25                  30

cgg tca cgc gtg cgt aag acg acg gag cga tcg ctc gcg cga gtg cga     144
Arg Ser Arg Val Arg Lys Thr Thr Glu Arg Ser Leu Ala Arg Val Arg
        35                  40                  45

cga tcg acg agt gag aag gga agc gcg ctc gtg ctc gag cga gag agc     192
Arg Ser Thr Ser Glu Lys Gly Ser Ala Leu Val Leu Glu Arg Glu Ser
    50                  55                  60

gaa cgg gag aag gag gag gga ggg aaa gcg cga gcg gag gga ttg cga     240
Glu Arg Glu Lys Glu Glu Gly Gly Lys Ala Arg Ala Glu Gly Leu Arg
65                  70                  75                  80

ttc caa cgc ccg gac gtc gcc gcg ccg ggg gga gcg gat cct tgg aac     288
Phe Gln Arg Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Gly Ala Asp Pro Trp Asn
                85                  90                  95

gac gag aag tgg aca aag acc aag tgg acg gta ttc aga gac gtc gcg     336
Asp Glu Lys Trp Thr Lys Thr Lys Trp Thr Val Phe Arg Asp Val Ala
            100                 105                 110

tac gat ctc gat cct ttc ttc gct cga cac ccc gga gga gac tgg ctc     384
Tyr Asp Leu Asp Pro Phe Phe Ala Arg His Pro Gly Gly Asp Trp Leu
        115                 120                 125

ctg aac ttg gcc gtg gga cga gac tgc acc gcg ctc atc gaa tcc tat     432
Leu Asn Leu Ala Val Gly Arg Asp Cys Thr Ala Leu Ile Glu Ser Tyr
    130                 135                 140

cac ttg cga cca gag gtg gcg acg gct cgt ttc aga atg ctg ccc aaa     480
His Leu Arg Pro Glu Val Ala Thr Ala Arg Phe Arg Met Leu Pro Lys
145                 150                 155                 160

ctc gag gat ttt ccc gtc gag gcc gtg ccc aag tcc ccg aga ccg aac     528
Leu Glu Asp Phe Pro Val Glu Ala Val Pro Lys Ser Pro Arg Pro Asn
```

```
                  165                 170                 175

gat tcg ccg tta tac aac aac att cgc aac cga gtc cgc gaa gag ctc      576
Asp Ser Pro Leu Tyr Asn Asn Ile Arg Asn Arg Val Arg Glu Glu Leu
            180                 185                 190

ttc cca gag gag gga aag aat atg cac aga cag ggc ggc gac cac ggc      624
Phe Pro Glu Glu Gly Lys Asn Met His Arg Gln Gly Gly Asp His Gly
        195                 200                 205

gac ggt gac gat tct ggg ttt cgc cgc ctt ttg cct atg ccg tgt acc      672
Asp Gly Asp Asp Ser Gly Phe Arg Arg Leu Leu Leu Met Pro Cys Thr
    210                 215                 220

tat tcc ctt ccg ggg gtt cct ttc cgg ctg cct cct cgg gtc tcg cgg      720
Tyr Ser Leu Pro Gly Val Pro Phe Arg Leu Pro Pro Arg Val Ser Arg
225                 230                 235                 240

ggg cgt gga ttg gtc tca cga ttc agg cac tgc gcc aac cac ggc gcg      768
Gly Arg Gly Leu Val Ser Arg Phe Arg His Cys Ala Asn His Gly Ala
                245                 250                 255

atg tct cct tcg ccg gcc gtt aac ggc gtc ctc ggt ttg acg aac gat      816
Met Ser Pro Ser Pro Ala Val Asn Gly Val Leu Gly Leu Thr Asn Asp
            260                 265                 270

ctc atc ggc ggc tcg tcc ttg atg tgg aga tat cac cac caa gtc agc      864
Leu Ile Gly Gly Ser Ser Leu Met Trp Arg Tyr His His Gln Val Ser
        275                 280                 285

cac cac att cat tgc aac gac aac gcc atg gat caa gac gtg tac acg      912
His His Ile His Cys Asn Asp Asn Ala Met Asp Gln Asp Val Tyr Thr
    290                 295                 300

gcg atg cca tta ttg cgt ttc gac gct cgc cgg ccc aag tcc tgg tac      960
Ala Met Pro Leu Leu Arg Phe Asp Ala Arg Arg Pro Lys Ser Trp Tyr
305                 310                 315                 320

cat cgc ttc cag cag tgg tac atg ttt tta gcg ttc ccg ttg ttg cag     1008
His Arg Phe Gln Gln Trp Tyr Met Phe Leu Ala Phe Pro Leu Leu Gln
                325                 330                 335

gtt gcc ttc caa gtc gga gac att gcc gca ctg ttc acg cgt gat acc     1056
Val Ala Phe Gln Val Gly Asp Ile Ala Ala Leu Phe Thr Arg Asp Thr
            340                 345                 350

gaa ggc gct aag ctt cac ggg gcg acg acg tgg gag ctt acc acg gtt     1104
Glu Gly Ala Lys Leu His Gly Ala Thr Thr Trp Glu Leu Thr Thr Val
        355                 360                 365

gtc ctc ggt aag att gtg cac ttc ggt ctt ttg ttg ggg ccg ttg atg     1152
Val Leu Gly Lys Ile Val His Phe Gly Leu Leu Leu Gly Pro Leu Met
    370                 375                 380

aac cac gcg gtg agt tct gtt ttg ctg ggg atc gtc ggt ttc atg gcg     1200
Asn His Ala Val Ser Ser Val Leu Leu Gly Ile Val Gly Phe Met Ala
385                 390                 395                 400

tgc caa ggt ata gtt ctg gcg tgc acg ttt gct gtg agt cac aat gtc     1248
Cys Gln Gly Ile Val Leu Ala Cys Thr Phe Ala Val Ser His Asn Val
                405                 410                 415

gcg gag gcg aag ata cct gag gac acc gga gga gaa gcc tgg gag aga     1296
Ala Glu Ala Lys Ile Pro Glu Asp Thr Gly Gly Glu Ala Trp Glu Arg
            420                 425                 430

gat tgg ggt gtc cag cag ttg gtg act agc gcc gac tgg ggt gga aag     1344
Asp Trp Gly Val Gln Gln Leu Val Thr Ser Ala Asp Trp Gly Gly Lys
```

```
        435                 440                 445

ata ggt aac ttc ttc acg ggt ggc ctc aac ttg caa gtt gag cac cac     1392
Ile Gly Asn Phe Phe Thr Gly Gly Leu Asn Leu Gln Val Glu His His
    450                 455                 460

ttg ttt ccg gcg att tgc ttc gtc cac tac ccg gac atc gcg aag atc     1440
Leu Phe Pro Ala Ile Cys Phe Val His Tyr Pro Asp Ile Ala Lys Ile
465                 470                 475                 480

gtg aag gaa gaa gcg gcc aag ctc aac atc cct tac gcg tct tac agg     1488
Val Lys Glu Glu Ala Ala Lys Leu Asn Ile Pro Tyr Ala Ser Tyr Arg
                485                 490                 495

act ctt cct ggt att ttc gtc caa ttc tgg aga ttt atg aag gac atg     1536
Thr Leu Pro Gly Ile Phe Val Gln Phe Trp Arg Phe Met Lys Asp Met
            500                 505                 510

ggc acg gct gag caa att ggt gaa gtt cca ttg ccg aag att ccc aac     1584
Gly Thr Ala Glu Gln Ile Gly Glu Val Pro Leu Pro Lys Ile Pro Asn
        515                 520                 525

ccg cag ctc gcg ccg aag ctc gct tag                                 1611
Pro Gln Leu Ala Pro Lys Leu Ala
    530                 535
```

<210> 96
<211> 536
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 96

```
Met Tyr Leu Gly Arg Gly Arg Leu Glu Ser Gly Thr Thr Arg Gly Met
1               5                   10                  15

Met Arg Thr His Ala Arg Arg Pro Ser Thr Thr Ser Asn Pro Cys Ala
            20                  25                  30

Arg Ser Arg Val Arg Lys Thr Thr Glu Arg Ser Leu Ala Arg Val Arg
        35                  40                  45

Arg Ser Thr Ser Glu Lys Gly Ser Ala Leu Val Leu Glu Arg Glu Ser
    50                  55                  60

Glu Arg Glu Lys Glu Glu Gly Gly Lys Ala Arg Ala Glu Gly Leu Arg
65                  70                  75                  80

Phe Gln Arg Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Gly Ala Asp Pro Trp Asn
                85                  90                  95

Asp Glu Lys Trp Thr Lys Thr Lys Trp Thr Val Phe Arg Asp Val Ala
            100                 105                 110

Tyr Asp Leu Asp Pro Phe Phe Ala Arg His Pro Gly Gly Asp Trp Leu
        115                 120                 125

Leu Asn Leu Ala Val Gly Arg Asp Cys Thr Ala Leu Ile Glu Ser Tyr
    130                 135                 140
```

```
His Leu Arg Pro Glu Val Ala Thr Ala Arg Phe Arg Met Leu Pro Lys
145                 150                 155                 160

Leu Glu Asp Phe Pro Val Glu Ala Val Pro Lys Ser Pro Arg Pro Asn
                165                 170                 175

Asp Ser Pro Leu Tyr Asn Asn Ile Arg Asn Arg Val Arg Glu Glu Leu
            180                 185                 190

Phe Pro Glu Glu Gly Lys Asn Met His Arg Gln Gly Gly Asp His Gly
        195                 200                 205

Asp Gly Asp Asp Ser Gly Phe Arg Arg Leu Leu Leu Met Pro Cys Thr
    210                 215                 220

Tyr Ser Leu Pro Gly Val Pro Phe Arg Leu Pro Pro Arg Val Ser Arg
225                 230                 235                 240

Gly Arg Gly Leu Val Ser Arg Phe Arg His Cys Ala Asn His Gly Ala
                245                 250                 255

Met Ser Pro Ser Pro Ala Val Asn Gly Val Leu Gly Leu Thr Asn Asp
            260                 265                 270

Leu Ile Gly Gly Ser Ser Leu Met Trp Arg Tyr His His Gln Val Ser
        275                 280                 285

His His Ile His Cys Asn Asp Asn Ala Met Asp Gln Asp Val Tyr Thr
    290                 295                 300

Ala Met Pro Leu Leu Arg Phe Asp Ala Arg Arg Pro Lys Ser Trp Tyr
305                 310                 315                 320

His Arg Phe Gln Gln Trp Tyr Met Phe Leu Ala Phe Pro Leu Leu Gln
                325                 330                 335

Val Ala Phe Gln Val Gly Asp Ile Ala Ala Leu Phe Thr Arg Asp Thr
            340                 345                 350

Glu Gly Ala Lys Leu His Gly Ala Thr Thr Trp Glu Leu Thr Thr Val
        355                 360                 365

Val Leu Gly Lys Ile Val His Phe Gly Leu Leu Leu Gly Pro Leu Met
    370                 375                 380

Asn His Ala Val Ser Ser Val Leu Leu Gly Ile Val Gly Phe Met Ala
385                 390                 395                 400

Cys Gln Gly Ile Val Leu Ala Cys Thr Phe Ala Val Ser His Asn Val
                405                 410                 415
```

```
Ala Glu Ala Lys Ile Pro Glu Asp Thr Gly Gly Glu Ala Trp Glu Arg
            420                 425                 430

Asp Trp Gly Val Gln Gln Leu Val Thr Ser Ala Asp Trp Gly Gly Lys
        435                 440                 445

Ile Gly Asn Phe Phe Thr Gly Gly Leu Asn Leu Gln Val Glu His His
    450                 455                 460

Leu Phe Pro Ala Ile Cys Phe Val His Tyr Pro Asp Ile Ala Lys Ile
465                 470                 475                 480

Val Lys Glu Glu Ala Ala Lys Leu Asn Ile Pro Tyr Ala Ser Tyr Arg
                485                 490                 495

Thr Leu Pro Gly Ile Phe Val Gln Phe Trp Arg Phe Met Lys Asp Met
            500                 505                 510

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

Pro Gln Leu Ala Pro Lys Leu Ala
    530                 535
```

<210> 97
<211> 1455
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1455)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 97

```
atg gga aaa gga gga gac gca gcc gca gct acc aag cgt agt gga gca        48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Ala Ala Ala Thr Lys Arg Ser Gly Ala
1               5                   10                  15

ttg aaa ttg gcg gag aag ccg cag aag tac act tgg cag gag gtg aag        96
Leu Lys Leu Ala Glu Lys Pro Gln Lys Tyr Thr Trp Gln Glu Val Lys
            20                  25                  30

aag cac atc acc ccc gac gat gcc tgg gta gtc cac caa aac aaa gtc       144
Lys His Ile Thr Pro Asp Asp Ala Trp Val Val His Gln Asn Lys Val
        35                  40                  45

tac gac gtc tcc aac tgg tac gac cac ccc ggt gga gcc gtg gtg ttc       192
Tyr Asp Val Ser Asn Trp Tyr Asp His Pro Gly Gly Ala Val Val Phe
    50                  55                  60

acc cac gcc gga gac gac atg acg gac atc ttc gcc gcc ttc cac gcc       240
Thr His Ala Gly Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala
65                  70                  75                  80

caa ggc tct cag gcc atg atg aag aag ttt tac att gga gat ttg att       288
Gln Gly Ser Gln Ala Met Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Leu Ile
```

```
                    85                  90                  95

ccg gag agt gtg gag cac aag gat caa aga cag ttg gat ttc gag aag      336
Pro Glu Ser Val Glu His Lys Asp Gln Arg Gln Leu Asp Phe Glu Lys
            100                 105                 110

gga tat cgt gat tta cgg gcc aag ctt gtc atg atg ggg atg ttc aag      384
Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ala Lys Leu Val Met Met Gly Met Phe Lys
        115                 120                 125

tcg agt aag atg tac tat gca tac aag tgc tcg ttc aat atg tgc atg      432
Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Ala Tyr Lys Cys Ser Phe Asn Met Cys Met
    130                 135                 140

tgg ttg gtg gcg gtg gcc atg gtg tac tac tcg gac agt ttg gca atg      480
Trp Leu Val Ala Val Ala Met Val Tyr Tyr Ser Asp Ser Leu Ala Met
145                 150                 155                 160

cac att gga tcg gct ctc ttg ttg gga ttg ttc tgg cag cag tgt gga      528
His Ile Gly Ser Ala Leu Leu Leu Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly
                165                 170                 175

tgg ctt gcg cac gac ttt ctt cac cac caa gtc ttt aag caa cga aag      576
Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Lys Gln Arg Lys
            180                 185                 190

tac gga gat ctc gtt ggc atc ttt tgg gga gat ctc atg cag ggg ttc      624
Tyr Gly Asp Leu Val Gly Ile Phe Trp Gly Asp Leu Met Gln Gly Phe
        195                 200                 205

tcg atg cag tgg tgg aag aac aag cac aat ggc cac cat gct gtt ccc      672
Ser Met Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro
    210                 215                 220

aac ctg cac aac tct tcc ttg gac agt cag gat ggt gat ccc gat att      720
Asn Leu His Asn Ser Ser Leu Asp Ser Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile
225                 230                 235                 240

gat acc atg cca ctc ctt gct tgg agt ctc aag cag gct cag agt ttc      768
Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Leu Lys Gln Ala Gln Ser Phe
                245                 250                 255

aga gag atc aat aag gga aag gac agt acc ttc gtc aag tac gct atc      816
Arg Glu Ile Asn Lys Gly Lys Asp Ser Thr Phe Val Lys Tyr Ala Ile
            260                 265                 270

aaa ttc cag gca ttc aca tac ttc ccc atc ctc ctc ttg gct cgc atc      864
Lys Phe Gln Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Ile
        275                 280                 285

tct tgg ttg aat gaa tcc ttc aaa act gca ttc gga ctc gga gct gcc      912
Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe Lys Thr Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala
    290                 295                 300

tcg gag aat gcc aag ttg gag ttg gag aag cgt gga ctt cag tac cca      960
Ser Glu Asn Ala Lys Leu Glu Leu Glu Lys Arg Gly Leu Gln Tyr Pro
305                 310                 315                 320

ctt ttg gag aag ctt gga atc acc ctt cat tac act tgg atg ttc gtc     1008
Leu Leu Glu Lys Leu Gly Ile Thr Leu His Tyr Thr Trp Met Phe Val
                325                 330                 335

ctc tct tcc gga ttt gga agg tgg tct ctt cca tat tcc atc atg tat     1056
Leu Ser Ser Gly Phe Gly Arg Trp Ser Leu Pro Tyr Ser Ile Met Tyr
            340                 345                 350

ttc ttc act gcc aca tgc tcc tcg gga ctt ttc ctc gca ttg gtc ttt     1104
Phe Phe Thr Ala Thr Cys Ser Ser Gly Leu Phe Leu Ala Leu Val Phe
```

```
        355                 360                 365

gga ttg gga cac aac ggt atg tca gtg tac gat gcc acc acc cga cct      1152
Gly Leu Gly His Asn Gly Met Ser Val Tyr Asp Ala Thr Thr Arg Pro
    370                 375                 380

gac ttc tgg caa ctc caa gtc acc act aca cgt aac atc att ggt gga      1200
Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Ile Gly Gly
385                 390                 395                 400

cac ggc att ccc caa ttc ttt gtg gat tgg ttc tgc ggt gga ttg caa      1248
His Gly Ile Pro Gln Phe Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln
                405                 410                 415

tac caa gtg gat cac cac ctc ttc ccc atg atg cct aga aac aat atc      1296
Tyr Gln Val Asp His His Leu Phe Pro Met Met Pro Arg Asn Asn Ile
            420                 425                 430

gcg aaa tgc cac aag ctt gtg gag tca ttc tgt aag gag tgg ggt gtg      1344
Ala Lys Cys His Lys Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val
        435                 440                 445

aag tac cat gag gcc gat atg tgg gat ggt acc gtg gaa gtg ttg caa      1392
Lys Tyr His Glu Ala Asp Met Trp Asp Gly Thr Val Glu Val Leu Gln
    450                 455                 460

cat ctc tcc aag gtg tcg gat gat ttc ctt gtg gag atg gtg aag gat      1440
His Leu Ser Lys Val Ser Asp Asp Phe Leu Val Glu Met Val Lys Asp
465                 470                 475                 480

ttc cct gcc atg taa                                                  1455
Phe Pro Ala Met
```

<210> 98
<211> 484
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 98

```
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Ala Ala Ala Thr Lys Arg Ser Gly Ala
1               5                   10                  15

Leu Lys Leu Ala Glu Lys Pro Gln Lys Tyr Thr Trp Gln Glu Val Lys
            20                  25                  30

Lys His Ile Thr Pro Asp Asp Ala Trp Val Val His Gln Asn Lys Val
        35                  40                  45

Tyr Asp Val Ser Asn Trp Tyr Asp His Pro Gly Gly Ala Val Val Phe
    50                  55                  60

Thr His Ala Gly Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala
65                  70                  75                  80

Gln Gly Ser Gln Ala Met Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Leu Ile
                85                  90                  95

Pro Glu Ser Val Glu His Lys Asp Gln Arg Gln Leu Asp Phe Glu Lys
            100                 105                 110
```

```
Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ala Lys Leu Val Met Met Gly Met Phe Lys
        115                 120                 125

Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Ala Tyr Lys Cys Ser Phe Asn Met Cys Met
    130                 135                 140

Trp Leu Val Ala Val Ala Met Val Tyr Tyr Ser Asp Ser Leu Ala Met
145                 150                 155                 160

His Ile Gly Ser Ala Leu Leu Leu Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly
                165                 170                 175

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Lys Gln Arg Lys
            180                 185                 190

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

Ser Met Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro
    210                 215                 220

Asn Leu His Asn Ser Ser Leu Asp Ser Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile
225                 230                 235                 240

Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Leu Lys Gln Ala Gln Ser Phe
                245                 250                 255

Arg Glu Ile Asn Lys Gly Lys Asp Ser Thr Phe Val Lys Tyr Ala Ile
            260                 265                 270

Lys Phe Gln Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Ile
        275                 280                 285

Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe Lys Thr Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala
    290                 295                 300

Ser Glu Asn Ala Lys Leu Glu Leu Glu Lys Arg Gly Leu Gln Tyr Pro
305                 310                 315                 320

Leu Leu Glu Lys Leu Gly Ile Thr Leu His Tyr Thr Trp Met Phe Val
                325                 330                 335

Leu Ser Ser Gly Phe Gly Arg Trp Ser Leu Pro Tyr Ser Ile Met Tyr
            340                 345                 350

Phe Phe Thr Ala Thr Cys Ser Ser Gly Leu Phe Leu Ala Leu Val Phe
        355                 360                 365

Gly Leu Gly His Asn Gly Met Ser Val Tyr Asp Ala Thr Thr Arg Pro
    370                 375                 380
```

```
Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Ile Gly Gly
385                 390                 395                 400

His Gly Ile Pro Gln Phe Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln
                405                 410                 415

Tyr Gln Val Asp His His Leu Phe Pro Met Met Pro Arg Asn Asn Ile
            420                 425                 430

Ala Lys Cys His Lys Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val
        435                 440                 445

Lys Tyr His Glu Ala Asp Met Trp Asp Gly Thr Val Glu Val Leu Gln
    450                 455                 460

His Leu Ser Lys Val Ser Asp Asp Phe Leu Val Glu Met Val Lys Asp
465                 470                 475                 480

Phe Pro Ala Met
```

<210> 99
<211> 1431
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1431)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 99

```
atg ccc ccc aac gcc gat atc tcc cgc atc cgc aac cgc atc ccc acc      48
Met Pro Pro Asn Ala Asp Ile Ser Arg Ile Arg Asn Arg Ile Pro Thr
1               5                  10                  15

aaa aca ggt acc gtt gcc tct gcc gac aac aac gac ccc gcc acc caa      96
Lys Thr Gly Thr Val Ala Ser Ala Asp Asn Asn Asp Pro Ala Thr Gln
            20                  25                  30

tcc gtc cga acc ctc aaa tct ctc aag ggc aac gag gtc gtc atc aac     144
Ser Val Arg Thr Leu Lys Ser Leu Lys Gly Asn Glu Val Val Ile Asn
        35                  40                  45

ggc aca att tat gac att gct gac ttt gtc cat cct gga gga gag gtt     192
Gly Thr Ile Tyr Asp Ile Ala Asp Phe Val His Pro Gly Gly Glu Val
    50                  55                  60

gtc aag ttc ttt ggt ggg aat gat gtt act att cag tat aat atg att     240
Val Lys Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Ile Gln Tyr Asn Met Ile
65                  70                  75                  80

cat ccg tat cat acg ggg aaa cat ctg gag aag atg aag gct gtt gga     288
His Pro Tyr His Thr Gly Lys His Leu Glu Lys Met Lys Ala Val Gly
                85                  90                  95

aag gtt gta gat tgg cag tcg gac tac aag ttc gac acc ccc ttt gaa     336
Lys Val Val Asp Trp Gln Ser Asp Tyr Lys Phe Asp Thr Pro Phe Glu
```

```
            100                 105                 110

cga gag atc aaa tca gaa gtg ttc aag atc gta cgt cgc ggg cgt gag      384
Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Arg Glu
        115                 120                 125

ttc ggc aca aca ggc tac ttc ctc cgt gcc ttt ttc tac atc gct ctc      432
Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala Phe Phe Tyr Ile Ala Leu
    130                 135                 140

ttc ttc acc atg caa tac act ttc gcc aca tgc acc acc ttc acc acc      480
Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr Cys Thr Thr Phe Thr Thr
145                 150                 155                 160

tac gat cac tgg tat cag agt ggt gta ttc atc gca att gtg ttt ggt      528
Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe Ile Ala Ile Val Phe Gly
                165                 170                 175

att tca cag gca ttc att ggg ttg aat gtc cag cac gat gcc aat cac      576
Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val Gln His Asp Ala Asn His
            180                 185                 190

gga gct gcc agt aag cgt ccc tgg gtg aat gac ttg ttg gga ttt gga      624
Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Leu Leu Gly Phe Gly
        195                 200                 205

acg gat ttg att gga tct aac aaa tgg aat tgg atg gca cag cat tgg      672
Thr Asp Leu Ile Gly Ser Asn Lys Trp Asn Trp Met Ala Gln His Trp
    210                 215                 220

act cat cac gct tac act aac cat agt gag aag gat ccc gat agc ttc      720
Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ser Glu Lys Asp Pro Asp Ser Phe
225                 230                 235                 240

agc tcg gaa cct atg ttt gca ttc aat gac tat ccc att gga cac ccg      768
Ser Ser Glu Pro Met Phe Ala Phe Asn Asp Tyr Pro Ile Gly His Pro
                245                 250                 255

aag aga aag tgg tgg cat agg ttc cag gga ggg tac ttc ctc ttc atg      816
Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly Gly Tyr Phe Leu Phe Met
            260                 265                 270

ctt gga ctt tac tgg ctc tcg act gta ttc aat ccg caa ttc att gat      864
Leu Gly Leu Tyr Trp Leu Ser Thr Val Phe Asn Pro Gln Phe Ile Asp
        275                 280                 285

ctt cgt caa cgt ggg gct cag tac gtc gga att caa atg gag aat gat      912
Leu Arg Gln Arg Gly Ala Gln Tyr Val Gly Ile Gln Met Glu Asn Asp
    290                 295                 300

ttc att gtc aag agg agg aag tac gcc gtt gca ttg agg atg atg tac      960
Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Val Ala Leu Arg Met Met Tyr
305                 310                 315                 320

att tac ttg aac att gtc agc ccc ttc atg aac aat ggt ttg agc tgg     1008
Ile Tyr Leu Asn Ile Val Ser Pro Phe Met Asn Asn Gly Leu Ser Trp
                325                 330                 335

tct acc ttt gga atc atc atg ttg atg gga atc agc gag agt ctc act     1056
Ser Thr Phe Gly Ile Ile Met Leu Met Gly Ile Ser Glu Ser Leu Thr
            340                 345                 350

ctc agt gtg ctc ttc tcg ttg tct cac aac ttc atc aat tcg gat cgt     1104
Leu Ser Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Ile Asn Ser Asp Arg
        355                 360                 365

gat cct acg gct gac ttc aaa aag acc gga gaa caa gtg tgc tgg ttc     1152
Asp Pro Thr Ala Asp Phe Lys Lys Thr Gly Glu Gln Val Cys Trp Phe
```

```
    370                 375                 380

aag tcg cag gtg gag act tcg tct acc tat ggg ggt ttt att tcc gga     1200
Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr Gly Gly Phe Ile Ser Gly
385                 390                 395                 400

tgt ctt acg gga gga ctc aac ttt cag gtg gaa cat cat ctc ttt ccc     1248
Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro
                405                 410                 415

cgt atg agc agt gct tgg tat cct tac att gca cct acg gtt cgt gag     1296
Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Thr Val Arg Glu
            420                 425                 430

gtt tgc aag aag cac ggg gtg aac tac gct tat tat cct tgg att ggg     1344
Val Cys Lys Lys His Gly Val Asn Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile Gly
        435                 440                 445

cag aat ttg gta tca aca ttc aaa tac atg cat cgc gct ggt agt gga     1392
Gln Asn Leu Val Ser Thr Phe Lys Tyr Met His Arg Ala Gly Ser Gly
    450                 455                 460

gcc aac tgg gag ctc aag ccg ttg tct gga agt gcc taa                 1431
Ala Asn Trp Glu Leu Lys Pro Leu Ser Gly Ser Ala
465                 470                 475
```

<210> 100
<211> 476
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 100

```
Met Pro Pro Asn Ala Asp Ile Ser Arg Ile Arg Asn Arg Ile Pro Thr
1               5                  10                  15

Lys Thr Gly Thr Val Ala Ser Ala Asp Asn Asn Asp Pro Ala Thr Gln
            20                  25                  30

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

Gly Thr Ile Tyr Asp Ile Ala Asp Phe Val His Pro Gly Gly Glu Val
    50                  55                  60

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

His Pro Tyr His Thr Gly Lys His Leu Glu Lys Met Lys Ala Val Gly
                85                  90                  95

Lys Val Val Asp Trp Gln Ser Asp Tyr Lys Phe Asp Thr Pro Phe Glu
            100                 105                 110

Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Arg Glu
        115                 120                 125

Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala Phe Phe Tyr Ile Ala Leu
    130                 135                 140
```

```
Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr Cys Thr Thr Phe Thr Thr
145                 150                 155                 160

Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe Ile Ala Ile Val Phe Gly
                165                 170                 175

Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val Gln His Asp Ala Asn His
            180                 185                 190

Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Leu Leu Gly Phe Gly
        195                 200                 205

Thr Asp Leu Ile Gly Ser Asn Lys Trp Asn Trp Met Ala Gln His Trp
    210                 215                 220

Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ser Glu Lys Asp Pro Asp Ser Phe
225                 230                 235                 240

Ser Ser Glu Pro Met Phe Ala Phe Asn Asp Tyr Pro Ile Gly His Pro
                245                 250                 255

Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly Gly Tyr Phe Leu Phe Met
            260                 265                 270

Leu Gly Leu Tyr Trp Leu Ser Thr Val Phe Asn Pro Gln Phe Ile Asp
        275                 280                 285

Leu Arg Gln Arg Gly Ala Gln Tyr Val Gly Ile Gln Met Glu Asn Asp
    290                 295                 300

Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Val Ala Leu Arg Met Met Tyr
305                 310                 315                 320

Ile Tyr Leu Asn Ile Val Ser Pro Phe Met Asn Asn Gly Leu Ser Trp
                325                 330                 335

Ser Thr Phe Gly Ile Ile Met Leu Met Gly Ile Ser Glu Ser Leu Thr
            340                 345                 350

Leu Ser Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Ile Asn Ser Asp Arg
        355                 360                 365

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

Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr Gly Gly Phe Ile Ser Gly
385                 390                 395                 400

Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro
                405                 410                 415
```

```
Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Thr Val Arg Glu
            420                 425                 430

Val Cys Lys Lys His Gly Val Asn Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile Gly
        435                 440                 445

Gln Asn Leu Val Ser Thr Phe Lys Tyr Met His Arg Ala Gly Ser Gly
    450                 455                 460

Ala Asn Trp Glu Leu Lys Pro Leu Ser Gly Ser Ala
465                 470                 475
```

<210> 101
<211> 1449
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1449)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 101

```
atg cca ccc aac gcc gag gtc aaa aac ctc cgt tca cgt tcc atc cca       48
Met Pro Pro Asn Ala Glu Val Lys Asn Leu Arg Ser Arg Ser Ile Pro
1               5                   10                  15

acg aag aag tcc agt tca tcg tca tcc acc gcg aac gac gat ccg gct       96
Thr Lys Lys Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ala Asn Asp Asp Pro Ala
            20                  25                  30

acc caa tcc acc tca cct gtg aac cga acc ctc aag tct ttg aat gga      144
Thr Gln Ser Thr Ser Pro Val Asn Arg Thr Leu Lys Ser Leu Asn Gly
        35                  40                  45

aac gaa ata gct att gac ggt gtc atc tat gat att gat ggc ttt gtc      192
Asn Glu Ile Ala Ile Asp Gly Val Ile Tyr Asp Ile Asp Gly Phe Val
    50                  55                  60

cat cct gga gga gag gtt att agc ttc ttt gga ggc aac gat gtg act      240
His Pro Gly Gly Glu Val Ile Ser Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr
65                  70                  75                  80

gta cag tac aaa atg att cat ccg tat cat aat agt aag cat ctc gag      288
Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Asn Ser Lys His Leu Glu
                85                  90                  95

aag atg aga gcc gtt gga aag att gca gac tac tcc aca gag tac aag      336
Lys Met Arg Ala Val Gly Lys Ile Ala Asp Tyr Ser Thr Glu Tyr Lys
            100                 105                 110

ttc gac aca ccc ttt gaa cga gag atc aaa tcc gaa gtg ttc aaa atc      384
Phe Asp Thr Pro Phe Glu Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile
        115                 120                 125

gtc cgt cga gga cgt gaa ttc ggt aca aca gga tat ttc ctc cgt gcc      432
Val Arg Arg Gly Arg Glu Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala
    130                 135                 140

ttc ttc tac att gct ctc ttc ttc acc atg caa tac acc ttc gcc aca      480
Phe Phe Tyr Ile Ala Leu Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr
```

```
145                 150                 155                 160

tgc act acc ttc acc acc tac gat cat tgg tat caa agt ggt gta ttc      528
Cys Thr Thr Phe Thr Thr Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe
                165                 170                 175

atc gcc att gtg ttt ggt atc tca caa gct ttc att ggg ttg aat gta      576
Ile Ala Ile Val Phe Gly Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val
            180                 185                 190

caa cat gat gcc aat cac gga gct gct agc aaa cga cct tgg gtg aat      624
Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn
        195                 200                 205

gat ctc ctt gga tct gga gct gat ctc atc ggt gga tgc aaa tgg aac      672
Asp Leu Leu Gly Ser Gly Ala Asp Leu Ile Gly Gly Cys Lys Trp Asn
    210                 215                 220

tgg ttg gct cag cat tgg act cat cat gcg tat acc aat cac gct gat      720
Trp Leu Ala Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Asp
225                 230                 235                 240

aaa gat cct gat agc ttt agt tcc gag ccg gtc ttc aac ttt aac gat      768
Lys Asp Pro Asp Ser Phe Ser Ser Glu Pro Val Phe Asn Phe Asn Asp
                245                 250                 255

tat ccc att ggt cac ccc aaa aga aag tgg tgg cat agg ttc caa ggg      816
Tyr Pro Ile Gly His Pro Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly
            260                 265                 270

ctc tac ttc cta atc atg ctg agt ttc tat tgg gta tcg atg gta ttc      864
Leu Tyr Phe Leu Ile Met Leu Ser Phe Tyr Trp Val Ser Met Val Phe
        275                 280                 285

aac cca caa gtt atc gac ctc cgt cat gct gga gct gcc tac gtt gga      912
Asn Pro Gln Val Ile Asp Leu Arg His Ala Gly Ala Ala Tyr Val Gly
    290                 295                 300

ttt cag atg gag aac gac ttt atc gtc aaa cgg aga aag tat gca atg      960
Phe Gln Met Glu Asn Asp Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Met
305                 310                 315                 320

gca ctt cgt gca atg tac ttc tat ttc aac atc tat tgt ccg att gtc     1008
Ala Leu Arg Ala Met Tyr Phe Tyr Phe Asn Ile Tyr Cys Pro Ile Val
                325                 330                 335

aac aat gga ttg act tgg tcg aca gtt gga atc atc ctc tta atg gga     1056
Asn Asn Gly Leu Thr Trp Ser Thr Val Gly Ile Ile Leu Leu Met Gly
            340                 345                 350

gtt agc gaa agc ttc atg ctc tcc ggt cta ttc gta ctc tca cac aac     1104
Val Ser Glu Ser Phe Met Leu Ser Gly Leu Phe Val Leu Ser His Asn
        355                 360                 365

ttt gaa aat tcc gaa cgt gat cct acc tct gag tat cgc aag act ggt     1152
Phe Glu Asn Ser Glu Arg Asp Pro Thr Ser Glu Tyr Arg Lys Thr Gly
    370                 375                 380

gag caa gta tgt tgg ttc aag tct caa gtg gag act tct tct acc tac     1200
Glu Gln Val Cys Trp Phe Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr
385                 390                 395                 400

gga ggt atc gtt gct ggg tgt ctc act ggt gga ctc aac ttt caa gtg     1248
Gly Gly Ile Val Ala Gly Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val
                405                 410                 415

gag cat cat ttg ttc ccg agg atg agc agt gct tgg tat cct ttc atc     1296
Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Phe Ile
```

```
                420                 425                 430

gcg ccg aag gtt aga gag att tgt aag aag cat gga gtt aga tac gct      1344
Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Lys Lys His Gly Val Arg Tyr Ala
        435                 440                 445

tac tat ccg tac atc tgg cag aac ttg cat tct acc gtg agt tac atg      1392
Tyr Tyr Pro Tyr Ile Trp Gln Asn Leu His Ser Thr Val Ser Tyr Met
    450                 455                 460

cat ggg acg gga acg gga gct aga tgg gag ctt cag ccg ttg tct gga      1440
His Gly Thr Gly Thr Gly Ala Arg Trp Glu Leu Gln Pro Leu Ser Gly
465                 470                 475                 480

agg gcg tag                                                          1449
Arg Ala
```

<210> 102
<211> 482
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 102

```
Met Pro Pro Asn Ala Glu Val Lys Asn Leu Arg Ser Arg Ser Ile Pro
1               5                   10                  15

Thr Lys Lys Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ala Asn Asp Asp Pro Ala
            20                  25                  30

Thr Gln Ser Thr Ser Pro Val Asn Arg Thr Leu Lys Ser Leu Asn Gly
        35                  40                  45

Asn Glu Ile Ala Ile Asp Gly Val Ile Tyr Asp Ile Asp Gly Phe Val
    50                  55                  60

His Pro Gly Gly Glu Val Ile Ser Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr
65                  70                  75                  80

Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Asn Ser Lys His Leu Glu
                85                  90                  95

Lys Met Arg Ala Val Gly Lys Ile Ala Asp Tyr Ser Thr Glu Tyr Lys
            100                 105                 110

Phe Asp Thr Pro Phe Glu Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile
        115                 120                 125

Val Arg Arg Gly Arg Glu Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala
    130                 135                 140

Phe Phe Tyr Ile Ala Leu Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr
145                 150                 155                 160

Cys Thr Thr Phe Thr Thr Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe
                165                 170                 175
```

```
Ile Ala Ile Val Phe Gly Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val
            180                 185                 190

Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn
        195                 200                 205

Asp Leu Leu Gly Ser Gly Ala Asp Leu Ile Gly Gly Cys Lys Trp Asn
    210                 215                 220

Trp Leu Ala Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Asp
225                 230                 235                 240

Lys Asp Pro Asp Ser Phe Ser Ser Glu Pro Val Phe Asn Phe Asn Asp
                245                 250                 255

Tyr Pro Ile Gly His Pro Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly
            260                 265                 270

Leu Tyr Phe Leu Ile Met Leu Ser Phe Tyr Trp Val Ser Met Val Phe
        275                 280                 285

Asn Pro Gln Val Ile Asp Leu Arg His Ala Gly Ala Ala Tyr Val Gly
    290                 295                 300

Phe Gln Met Glu Asn Asp Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Met
305                 310                 315                 320

Ala Leu Arg Ala Met Tyr Phe Tyr Phe Asn Ile Tyr Cys Pro Ile Val
                325                 330                 335

Asn Asn Gly Leu Thr Trp Ser Thr Val Gly Ile Ile Leu Leu Met Gly
            340                 345                 350

Val Ser Glu Ser Phe Met Leu Ser Gly Leu Phe Val Leu Ser His Asn
        355                 360                 365

Phe Glu Asn Ser Glu Arg Asp Pro Thr Ser Glu Tyr Arg Lys Thr Gly
    370                 375                 380

Glu Gln Val Cys Trp Phe Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr
385                 390                 395                 400

Gly Gly Ile Val Ala Gly Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val
                405                 410                 415

Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Phe Ile
            420                 425                 430

Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Lys Lys His Gly Val Arg Tyr Ala
        435                 440                 445
```

```
Tyr Tyr Pro Tyr Ile Trp Gln Asn Leu His Ser Thr Val Ser Tyr Met
     450                 455                 460

His Gly Thr Gly Thr Gly Ala Arg Trp Glu Leu Gln Pro Leu Ser Gly
465                 470                 475                 480

Arg Ala
```

<210> 103
<211> 1512
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1512)
<223> Delta-4-Desaturasa

<400> 103

```
atg tgc aac ggc aac ctc cca gca tcc acc gca cag ctc aag tcc acc      48
Met Cys Asn Gly Asn Leu Pro Ala Ser Thr Ala Gln Leu Lys Ser Thr
1               5                  10                  15

tcg aag ccc cag cag caa cat gag cat cgc acc atc tcc aag tcc gag      96
Ser Lys Pro Gln Gln Gln His Glu His Arg Thr Ile Ser Lys Ser Glu
            20                  25                  30

ctc gcc caa cac aac acg ccc aaa tca gca tgg tgt gcc gtc cac tcc     144
Leu Ala Gln His Asn Thr Pro Lys Ser Ala Trp Cys Ala Val His Ser
        35                  40                  45

act ccc gcc acc gac cca tcc cac tcc aac aac aaa caa cac gca cac     192
Thr Pro Ala Thr Asp Pro Ser His Ser Asn Asn Lys Gln His Ala His
    50                  55                  60

cta gtc ctc gac att acc gac ttt gcg tcc cgc cat cca ggg gga gac     240
Leu Val Leu Asp Ile Thr Asp Phe Ala Ser Arg His Pro Gly Gly Asp
65                  70                  75                  80

ctc atc ctc ctc gct tcc ggc aaa gac gcc tcg gtg ctg ttt gaa aca     288
Leu Ile Leu Leu Ala Ser Gly Lys Asp Ala Ser Val Leu Phe Glu Thr
                85                  90                  95

tac cat cca cgt gga gtt ccg acg tct ctc att caa aag ctg cag att     336
Tyr His Pro Arg Gly Val Pro Thr Ser Leu Ile Gln Lys Leu Gln Ile
            100                 105                 110

gga gtg atg gag gag gag gcg ttt cgg gat tcg ttt tac agt tgg act     384
Gly Val Met Glu Glu Glu Ala Phe Arg Asp Ser Phe Tyr Ser Trp Thr
        115                 120                 125

gat tct gac ttt tat act gtg ttg aag agg agg gtt gtg gag cgg ttg     432
Asp Ser Asp Phe Tyr Thr Val Leu Lys Arg Arg Val Val Glu Arg Leu
    130                 135                 140

gag gag agg ggg ttg gac agg agg gga tcg aaa gag att tgg atc aag     480
Glu Glu Arg Gly Leu Asp Arg Arg Gly Ser Lys Glu Ile Trp Ile Lys
145                 150                 155                 160

gct ttg ttc ttg ttg gtt gga ttt tgg tac tgt ttg tac aag atg tat     528
Ala Leu Phe Leu Leu Val Gly Phe Trp Tyr Cys Leu Tyr Lys Met Tyr
```

```
                165                 170                 175

act acg tcg gat atc gat cag tac ggt att gcc att gcc tat tct att      576
Thr Thr Ser Asp Ile Asp Gln Tyr Gly Ile Ala Ile Ala Tyr Ser Ile
            180                 185                 190

gga atg gga acc ttt gcg gca ttc atc ggc acg tgt att caa cac gat      624
Gly Met Gly Thr Phe Ala Ala Phe Ile Gly Thr Cys Ile Gln His Asp
        195                 200                 205

gga aat cac ggt gca ttc gct cag aac aag tta ctc aac aag ttg gct      672
Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Asn Lys Leu Leu Asn Lys Leu Ala
    210                 215                 220

ggg tgg acg ttg gat atg att ggt gcg agt gcg ttt acg tgg gag ctt      720
Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Phe Thr Trp Glu Leu
225                 230                 235                 240

cag cac atg ctg ggg cat cat cca tat acg aat gtg ttg gat ggg gtg      768
Gln His Met Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Val Leu Asp Gly Val
                245                 250                 255

gag gag gag agg aag gag agg ggg gag gat gtt gct ttg gaa gaa aag      816
Glu Glu Glu Arg Lys Glu Arg Gly Glu Asp Val Ala Leu Glu Glu Lys
            260                 265                 270

gat cag gat ttt gaa gtt gcc aca tcc gga cga tta tat cat att gat      864
Asp Gln Asp Phe Glu Val Ala Thr Ser Gly Arg Leu Tyr His Ile Asp
        275                 280                 285

gcc aat gta cgt tat ggt tcg gta tgg aat gtc acg agg ttt tgg gct      912
Ala Asn Val Arg Tyr Gly Ser Val Trp Asn Val Met Arg Phe Trp Ala
    290                 295                 300

atg aag gtc att acg atg gga tat atg atg gga tta cca atc tac ttt      960
Met Lys Val Ile Thr Met Gly Tyr Met Met Gly Leu Pro Ile Tyr Phe
305                 310                 315                 320

cat gga gta ctg agg gga gtt gga ttg ttt gtt att ggg cat ttg gcg     1008
His Gly Val Leu Arg Gly Val Gly Leu Phe Val Ile Gly His Leu Ala
                325                 330                 335

tgt gga gag ttg ttg gcg acg atg ttt att gtg aat cac gtc att gag     1056
Cys Gly Glu Leu Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His Val Ile Glu
            340                 345                 350

ggt gtg agt tat gga acg aag gat ttg gtt ggt ggt gcg agt cat gta     1104
Gly Val Ser Tyr Gly Thr Lys Asp Leu Val Gly Gly Ala Ser His Val
        355                 360                 365

gat gag aag aag att gtc aag cca acg act gta ttg gga gat aca cca     1152
Asp Glu Lys Lys Ile Val Lys Pro Thr Thr Val Leu Gly Asp Thr Pro
    370                 375                 380

atg gta aag act cgc gag gag gca ttg aaa agc aac agc aat aac aac     1200
Met Val Lys Thr Arg Glu Glu Ala Leu Lys Ser Asn Ser Asn Asn Asn
385                 390                 395                 400

aag aag aag gga gag aag aac tcg gta cca tcc gtt cca ttc aac gac     1248
Lys Lys Lys Gly Glu Lys Asn Ser Val Pro Ser Val Pro Phe Asn Asp
                405                 410                 415

tgg gca gca gtc caa tgc cag acc tcc gtg aat tgg tct cca ggc tca     1296
Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr Ser Val Asn Trp Ser Pro Gly Ser
            420                 425                 430

tgg ttc tgg aat cac ttt tct ggg gga ctc tct cat cag att gag cat     1344
Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu Ser His Gln Ile Glu His
```

```
        435                 440                 445

cac ttg ttc ccc agc att tgt cat aca aac tac tgt cat atc cag gat     1392
His Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp
    450                 455                 460

gtt gtg gag agt acg tgt gct gag tac gga gtt ccg tat cag agt gag     1440
Val Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu
465                 470                 475                 480

agt aat ttg ttt gtt gct tat gga aag atg att agt cat ttg aag ttt     1488
Ser Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe
                485                 490                 495

ttg ggt aaa gcc aag tgt gag tag                                    1512
Leu Gly Lys Ala Lys Cys Glu
            500
```

<210> 104
<211> 503
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 104

```
Met Cys Asn Gly Asn Leu Pro Ala Ser Thr Ala Gln Leu Lys Ser Thr
1               5                   10                  15

Ser Lys Pro Gln Gln Gln His Glu His Arg Thr Ile Ser Lys Ser Glu
            20                  25                  30

Leu Ala Gln His Asn Thr Pro Lys Ser Ala Trp Cys Ala Val His Ser
        35                  40                  45

Thr Pro Ala Thr Asp Pro Ser His Ser Asn Asn Lys Gln His Ala His
    50                  55                  60

Leu Val Leu Asp Ile Thr Asp Phe Ala Ser Arg His Pro Gly Gly Asp
65                  70                  75                  80

Leu Ile Leu Leu Ala Ser Gly Lys Asp Ala Ser Val Leu Phe Glu Thr
                85                  90                  95

Tyr His Pro Arg Gly Val Pro Thr Ser Leu Ile Gln Lys Leu Gln Ile
            100                 105                 110

Gly Val Met Glu Glu Glu Ala Phe Arg Asp Ser Phe Tyr Ser Trp Thr
        115                 120                 125

Asp Ser Asp Phe Tyr Thr Val Leu Lya Arg Arg Val Val Glu Arg Leu
    130                 135                 140

Glu Glu Arg Gly Leu Asp Arg Arg Gly Ser Lys Glu Ile Trp Ile Lys
145                 150                 155                 160

Ala Leu Phe Leu Leu Val Gly Phe Trp Tyr Cys Leu Tyr Lys Met Tyr
                165                 170                 175
```

```
Thr Thr Ser Asp Ile Asp Gln Tyr Gly Ile Ala Ile Ala Tyr Ser Ile
            180                 185                 190

Gly Met Gly Thr Phe Ala Ala Phe Ile Gly Thr Cys Ile Gln His Asp
        195                 200                 205

Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Asn Lys Leu Leu Asn Lys Leu Ala
    210                 215                 220

Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Phe Thr Trp Glu Leu
225                 230                 235                 240

Gln His Met Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Val Leu Asp Gly Val
                245                 250                 255

Glu Glu Glu Arg Lys Glu Arg Gly Glu Asp Val Ala Leu Glu Glu Lys
            260                 265                 270

Asp Gln Asp Phe Glu Val Ala Thr Ser Gly Arg Leu Tyr His Ile Asp
        275                 280                 285

Ala Asn Val Arg Tyr Gly Ser Val Trp Asn Val Met Arg Phe Trp Ala
    290                 295                 300

Met Lys Val Ile Thr Met Gly Tyr Met Met Gly Leu Pro Ile Tyr Phe
305                 310                 315                 320

His Gly Val Leu Arg Gly Val Gly Leu Phe Val Ile Gly His Leu Ala
                325                 330                 335

Cys Gly Glu Leu Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His Val Ile Glu
            340                 345                 350

Gly Val Ser Tyr Gly Thr Lys Asp Leu Val Gly Gly Ala Ser His Val
        355                 360                 365

Asp Glu Lys Lys Ile Val Lys Pro Thr Thr Val Leu Gly Asp Thr Pro
    370                 375                 380

Met Val Lys Thr Arg Glu Glu Ala Leu Lys Ser Asn Ser Asn Asn Asn
385                 390                 395                 400

Lys Lys Lys Gly Glu Lys Asn Ser Val Pro Ser Val Pro Phe Asn Asp
                405                 410                 415

Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr Ser Val Asn Trp Ser Pro Gly Ser
            420                 425                 430

Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu Ser His Gln Ile Glu His
        435                 440                 445
```

```
His Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp
 450                 455                 460

Val Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu
465                 470                 475                 480

Ser Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe
                485                 490                 495

Leu Gly Lys Ala Lys Cys Glu
            500
```

<210> 105
<211> 1257
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1257)
<223> Omega-3-Desaturasa

<400> 105

```
atg tac aga tta aca tcc acc ttc ctc atc gca ttg gca ttc tcc tcc      48
Met Tyr Arg Leu Thr Ser Thr Phe Leu Ile Ala Leu Ala Phe Ser Ser
1               5                  10                  15

tcc atc aat gcc ttc tct cca caa cgg cca cca cgt act atc acc aaa      96
Ser Ile Asn Ala Phe Ser Pro Gln Arg Pro Pro Arg Thr Ile Thr Lys
            20                  25                  30

agt aaa gtc caa agc acc gtg cta ccc ata ccg acc aag gat gat ctg     144
Ser Lys Val Gln Ser Thr Val Leu Pro Ile Pro Thr Lys Asp Asp Leu
        35                  40                  45

aac ttt ctc caa cca caa ctc gat gag aat gat ctc tac ctc gac gat     192
Asn Phe Leu Gln Pro Gln Leu Asp Glu Asn Asp Leu Tyr Leu Asp Asp
    50                  55                  60

gtc aac act cca cca aga gca ggt acc atc atg aag atg ttg ccg aag     240
Val Asn Thr Pro Pro Arg Ala Gly Thr Ile Met Lys Met Leu Pro Lys
65                  70                  75                  80

gaa acg ttc aac att gat aca gca act tca ttg ggt tac ttt ggt atg     288
Glu Thr Phe Asn Ile Asp Thr Ala Thr Ser Leu Gly Tyr Phe Gly Met
                85                  90                  95

gat atg gca gcg gtt gta tcg tcc atg acg ttg cta aat gct att gta     336
Asp Met Ala Ala Val Val Ser Ser Met Thr Leu Leu Asn Ala Ile Val
            100                 105                 110

act tcg gat cag tac cat gct ctt cca ctt cct ctc caa gca gca aca     384
Thr Ser Asp Gln Tyr His Ala Leu Pro Leu Pro Leu Gln Ala Ala Thr
        115                 120                 125

gtg att ccc ttt cag cta ttg gct ggg ttc gcc atg tgg tgt atg tgg     432
Val Ile Pro Phe Gln Leu Leu Ala Gly Phe Ala Met Trp Cys Met Trp
    130                 135                 140

tgc att gga cac gat gct gga cat tct act gtt tcg aag aca aag tgg     480
Cys Ile Gly His Asp Ala Gly His Ser Thr Val Ser Lys Thr Lys Trp
```

```
145                 150                 155                 160

atc aac cga gtc gtt ggt gaa gtg gct cat tct gtt gtt tgt ctc acg      528
Ile Asn Arg Val Val Gly Glu Val Ala His Ser Val Val Cys Leu Thr
                165                 170                 175

ccg ttc gtg cct tgg cag atg tcg cat agg aaa cac cat ttg aat cac      576
Pro Phe Val Pro Trp Gln Met Ser His Arg Lys His His Leu Asn His
            180                 185                 190

aat cat att gaa aag gac tac cct cat aag tgg tac agt cgc gac gag      624
Asn His Ile Glu Lys Asp Tyr Ser His Lys Trp Tyr Ser Arg Asp Glu
        195                 200                 205

ttt gat gat atc cca caa ctc tat aag aca ttt ggc tac aac cca aga      672
Phe Asp Asp Ile Pro Gln Leu Tyr Lys Thr Phe Gly Tyr Asn Pro Arg
    210                 215                 220

atg atg caa ctt cca ttc ctc tac ttc atg tat ctt gca ttg gga att      720
Met Met Gln Leu Pro Phe Leu Tyr Phe Met Tyr Leu Ala Leu Gly Ile
225                 230                 235                 240

cca gat ggt ggg cat gtt gtg ttc tac gga aga atg tgg gaa gga gtg      768
Pro Asp Gly Gly His Val Val Phe Tyr Gly Arg Met Trp Glu Gly Val
                245                 250                 255

tca ttg cag aag aag ttt gat gct gct att tct gtg gcc gta tca tgt      816
Ser Leu Gln Lys Lys Phe Asp Ala Ala Ile Ser Val Ala Val Ser Cys
            260                 265                 270

gca act gct gga tcg ctt tgg atg aat atg ggt aca gca gac ttc acg      864
Ala Thr Ala Gly Ser Leu Trp Met Asn Met Gly Thr Ala Asp Phe Thr
        275                 280                 285

gtg gta tgc atg gtt cct tgg cta gtt cta tcg tgg tgg ctc ttc atg      912
Val Val Cys Met Val Pro Trp Leu Val Leu Ser Trp Trp Leu Phe Met
    290                 295                 300

gta aca tac ctt cag cat cat tca gaa gac gga aag cta tac act gat      960
Val Thr Tyr Leu Gln His His Ser Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Thr Asp
305                 310                 315                 320

gaa acg ttt aca ttt gaa aag gga gcc ttc gag acc gtg gat cgt tcg     1008
Glu Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Ala Phe Glu Thr Val Asp Arg Ser
                325                 330                 335

tac ggc aag ttg atc aac cga atg tcg cat cac atg atg gac ggt cac     1056
Tyr Gly Lys Leu Ile Asn Arg Met Ser His His Met Met Asp Gly His
            340                 345                 350

gtg gtg cac cac ttg ttc ttt gaa cgt gta cct cac tac aga tta gag     1104
Val Val His His Leu Phe Phe Glu Arg Val Pro His Tyr Arg Leu Glu
        355                 360                 365

gca gct acc gaa gct ctt gtg aaa gga atg gat gaa acg gga cag aaa     1152
Ala Ala Thr Glu Ala Leu Val Lys Gly Met Asp Glu Thr Gly Gln Lys
    370                 375                 380

cat ttg tac aaa tac att gat act cct gat ttc aat gcc gag att gtc     1200
His Leu Tyr Lys Tyr Ile Asp Thr Pro Asp Phe Asn Ala Glu Ile Val
385                 390                 395                 400

aac gga ttt cgc gac aat tgg ttc ctt gtt gaa gag gag aac atc aaa     1248
Asn Gly Phe Arg Asp Asn Trp Phe Leu Val Glu Glu Glu Asn Ile Lys
                405                 410                 415

agg gag tag                                                        1257
Arg Glu
```

<210> 106
<211> 418
<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 106

```
Met Tyr Arg Leu Thr Ser Thr Phe Leu Ile Ala Leu Ala Phe Ser Ser
1               5                  10                  15

Ser Ile Asn Ala Phe Ser Pro Gln Arg Pro Pro Arg Thr Ile Thr Lys
            20                  25                  30

Ser Lys Val Gln Ser Thr Val Leu Pro Ile Pro Thr Lys Asp Asp Leu
        35                  40                  45

Asn Phe Leu Gln Pro Gln Leu Asp Glu Asn Asp Leu Tyr Leu Asp Asp
    50                  55                  60

Val Asn Thr Pro Pro Arg Ala Gly Thr Ile Met Lys Met Leu Pro Lys
65                  70                  75                  80

Glu Thr Phe Asn Ile Asp Thr Ala Thr Ser Leu Gly Tyr Phe Gly Met
                85                  90                  95

Asp Met Ala Ala Val Val Ser Ser Met Thr Leu Leu Asn Ala Ile Val
            100                 105                 110

Thr Ser Asp Gln Tyr His Ala Leu Pro Leu Pro Leu Gln Ala Ala Thr
        115                 120                 125

Val Ile Pro Phe Gln Leu Leu Ala Gly Phe Ala Met Trp Cys Met Trp
    130                 135                 140

Cys Ile Gly His Asp Ala Gly His Ser Thr Val Ser Lys Thr Lys Trp
145                 150                 155                 160

Ile Asn Arg Val Val Gly Glu Val Ala His Ser Val Val Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Pro Phe Val Pro Trp Gln Met Ser His Arg Lys His His Leu Asn His
            180                 185                 190

Asn His Ile Glu Lys Asp Tyr Ser His Lys Trp Tyr Ser Arg Asp Glu
        195                 200                 205

Phe Asp Asp Ile Pro Gln Leu Tyr Lys Thr Phe Gly Tyr Asn Pro Arg
    210                 215                 220

Met Met Gln Leu Pro Phe Leu Tyr Phe Met Tyr Leu Ala Leu Gly Ile
225                 230                 235                 240
```

```
Pro Asp Gly Gly His Val Val Phe Tyr Gly Arg Met Trp Glu Gly Val
                245                 250                 255

Ser Leu Gln Lys Lys Phe Asp Ala Ala Ile Ser Val Ala Val Ser Cys
            260                 265                 270

Ala Thr Ala Gly Ser Leu Trp Met Asn Met Gly Thr Ala Asp Phe Thr
        275                 280                 285

Val Val Cys Met Val Pro Trp Leu Val Leu Ser Trp Trp Leu Phe Met
    290                 295                 300

Val Thr Tyr Leu Gln His His Ser Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Thr Asp
305                 310                 315                 320

Glu Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Ala Phe Glu Thr Val Asp Arg Ser
                325                 330                 335

Tyr Gly Lys Leu Ile Asn Arg Met Ser His His Met Met Asp Gly His
            340                 345                 350

Val Val His His Leu Phe Phe Glu Arg Val Pro His Tyr Arg Leu Glu
        355                 360                 365

Ala Ala Thr Glu Ala Leu Val Lys Gly Met Asp Glu Thr Gly Gln Lys
    370                 375                 380

His Leu Tyr Lys Tyr Ile Asp Thr Pro Asp Phe Asn Ala Glu Ile Val
385                 390                 395                 400

Asn Gly Phe Arg Asp Asn Trp Phe Leu Val Glu Glu Glu Asn Ile Lys
                405                 410                 415

Arg Glu
```

<210> 107
<211> 1086
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1086)
<223> Delta-12-Desaturasa

<400> 107

```
atg cag gag ggg gtg cga aac att ccg aac gag tgc ttt gag acg gga      48
Met Gln Glu Gly Val Arg Asn Ile Pro Asn Glu Cys Phe Glu Thr Gly
1               5                   10                  15

cat ctt gaa aga ccc tgg cgt tcc ggc cgg tgt ggg cgc gat ccc ggt      96
His Leu Glu Arg Pro Trp Arg Ser Gly Arg Cys Gly Arg Asp Pro Gly
```

```
                20                  25                  30

tcg aat tgg ggc gct ggc ttc cgc ttt ttt tcg ctc aag ggg ttt tgg      144
Ser Asn Trp Gly Ala Gly Phe Arg Phe Phe Ser Leu Lys Gly Phe Trp
        35                  40                  45

tgg ccg gcg tgg tgg gcg tac gcg ttc gtg acg ggg acg gcg gcc act      192
Trp Pro Ala Trp Trp Ala Tyr Ala Phe Val Thr Gly Thr Ala Ala Thr
    50                  55                  60

ggg tgt tgg gtc gcc gcg cac gag tgc ggg cac ggc gcg ttc agc gat      240
Gly Cys Trp Val Ala Ala His Glu Cys Gly His Gly Ala Phe Ser Asp
65                  70                  75                  80

aac aag acg ttg caa gat gcg gtt gga tac gtg ttg cac tcg ttg ctc      288
Asn Lys Thr Leu Gln Asp Ala Val Gly Tyr Val Leu His Ser Leu Leu
                85                  90                  95

ttg gtg ccg tac ttt tct tgg cag cga tca cac gcg gtg cat cac tcg      336
Leu Val Pro Tyr Phe Ser Trp Gln Arg Ser His Ala Val His His Ser
            100                 105                 110

agg acg aat cac gtt ctt gag ggc gag acg cac gtg ccg gcg cgc ttg      384
Arg Thr Asn His Val Leu Glu Gly Glu Thr His Val Pro Ala Arg Leu
        115                 120                 125

ggg acg gaa gac gcc aac gtc gtg ttc aag ctt cgc gaa ttg atc ggt      432
Gly Thr Glu Asp Ala Asn Val Val Phe Lys Leu Arg Glu Leu Ile Gly
    130                 135                 140

gaa ggg ccg ttc acg ttt ttc aac ctc gtc ggc gtc ttc gcg ctc gga      480
Glu Gly Pro Phe Thr Phe Phe Asn Leu Val Gly Val Phe Ala Leu Gly
145                 150                 155                 160

tgg ccg att tac ttg ctc acc ggc gcg agc ggc gga ccg gtg cgc ggt      528
Trp Pro Ile Tyr Leu Leu Thr Gly Ala Ser Gly Gly Pro Val Arg Gly
                165                 170                 175

aac acg aac cac ttc tta ccc ttc atg ggc gag aaa ggt aag cac gcg      576
Asn Thr Asn His Phe Leu Pro Phe Met Gly Glu Lys Gly Lys His Ala
            180                 185                 190

ctg ttc ccg ggt aag tgg gcg aag aag gtg tgg cag tct gac atc ggc      624
Leu Phe Pro Gly Lys Trp Ala Lys Lys Val Trp Gln Ser Asp Ile Gly
        195                 200                 205

gtt gtt gcc gtc ctg ggc gcg ctc gcg gct tgg gcg gcg cac agc ggg      672
Val Val Ala Val Leu Gly Ala Leu Ala Ala Trp Ala Ala His Ser Gly
    210                 215                 220

att gcc aca gtg atg gca ctc tac gtc ggc ccg tac atg gtg acc aac      720
Ile Ala Thr Val Met Ala Leu Tyr Val Gly Pro Tyr Met Val Thr Asn
225                 230                 235                 240

ttt tgg ctc gtc ttg tac acg tgg tta cag cac acc gac gtt gac gtg      768
Phe Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Thr Asp Val Asp Val
                245                 250                 255

ccg cac ttc gag ggc gac gat tgg aac ttg gtc aag ggg gca ttc atg      816
Pro His Phe Glu Gly Asp Asp Trp Asn Leu Val Lys Gly Ala Phe Met
            260                 265                 270

acg atc gat cgc ccg tac ggc cca gtt ttt gat ttc ttg cac cac cgc      864
Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Pro Val Phe Asp Phe Leu His His Arg
        275                 280                 285

atc ggc agc acg cac gtc gcg cac cac atc aac aca cca ttc ccg cat      912
Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Ile Asn Thr Pro Phe Pro His
```

```
     290                 295                 300

tac aag gct caa atg gcg acg gat gcg cta aag gag gcg tat ccc gac      960
Tyr Lys Ala Gln Met Ala Thr Asp Ala Leu Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
305                 310                 315                 320

ctc tac ctt tac gat cca act ccg atc gcg acc gct acg tgg cgc gtg     1008
Leu Tyr Leu Tyr Asp Pro Thr Pro Ile Ala Thr Ala Thr Trp Arg Val
                325                 330                 335

ggg agc aag tgc atc gcc gtc gtg aag aag gga gac gaa tgg gtg ttc     1056
Gly Ser Lys Cys Ile Ala Val Val Lys Lys Gly Asp Glu Trp Val Phe
            340                 345                 350

acg gat aag caa ctc ccg gtc gcg gcg tga                            1086
Thr Asp Lys Gln Leu Pro Val Ala Ala
        355                 360
```

<210> 108
<211> 361
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 108

```
Met Gln Glu Gly Val Arg Asn Ile Pro Asn Glu Cys Phe Glu Thr Gly
1               5                   10                  15

His Leu Glu Arg Pro Trp Arg Ser Gly Arg Cys Gly Arg Asp Pro Gly
            20                  25                  30

Ser Asn Trp Gly Ala Gly Phe Arg Phe Phe Ser Leu Lys Gly Phe Trp
        35                  40                  45

Trp Pro Ala Trp Trp Ala Tyr Ala Phe Val Thr Gly Thr Ala Ala Thr
    50                  55                  60

Gly Cys Trp Val Ala Ala His Glu Cys Gly His Gly Ala Phe Ser Asp
65                  70                  75                  80

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

Leu Val Pro Tyr Phe Ser Trp Gln Arg Ser His Ala Val His His Ser
            100                 105                 110

Arg Thr Asn His Val Leu Glu Gly Glu Thr His Val Pro Ala Arg Leu
        115                 120                 125

Gly Thr Glu Asp Ala Asn Val Val Phe Lys Leu Arg Glu Leu Ile Gly
    130                 135                 140

Glu Gly Pro Phe Thr Phe Phe Asn Leu Val Gly Val Phe Ala Leu Gly
145                 150                 155                 160

Trp Pro Ile Tyr Leu Leu Thr Gly Ala Ser Gly Gly Pro Val Arg Gly
                165                 170                 175
```

```
Asn Thr Asn His Phe Leu Pro Phe Met Gly Glu Lys Gly Lys His Ala
            180                 185                 190

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

Val Val Ala Val Leu Gly Ala Leu Ala Ala Trp Ala Ala His Ser Gly
    210                 215                 220

Ile Ala Thr Val Met Ala Leu Tyr Val Gly Pro Tyr Met Val Thr Asn
225                 230                 235                 240

Phe Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Thr Asp Val Asp Val
                245                 250                 255

Pro His Phe Glu Gly Asp Asp Trp Asn Leu Val Lys Gly Ala Phe Met
            260                 265                 270

Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Pro Val Phe Asp Phe Leu His His Arg
        275                 280                 285

Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Ile Asn Thr Pro Phe Pro His
    290                 295                 300

Tyr Lys Ala Gln Met Ala Thr Asp Ala Leu Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
305                 310                 315                 320

Leu Tyr Leu Tyr Asp Pro Thr Pro Ile Ala Thr Ala Thr Trp Arg Val
                325                 330                 335

Gly Ser Lys Cys Ile Ala Val Val Lys Lys Gly Asp Glu Trp Val Phe
            340                 345                 350

Thr Asp Lys Gln Leu Pro Val Ala Ala
        355                 360
```

<210> 109
<211> 1305
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1305)
<223> Delta-12-Desaturasa

<400> 109

```
atg gga aag gga gga aga tca gta acc cgc gct caa aca gca gaa aag      48
Met Gly Lys Gly Gly Arg Ser Val Thr Arg Ala Gln Thr Ala Glu Lys
1               5                   10                  15

tca gca cac acc atc caa acc ttc acc gac ggc cga tgg gtc tcc ccc      96
Ser Ala His Thr Ile Gln Thr Phe Thr Asp Gly Arg Trp Val Ser Pro
```

```
                20                  25                  30

tac aac ccc ctc gca aaa gat gca cct gaa ctc ccc tcc aag ggt gaa      144
Tyr Asn Pro Leu Ala Lys Asp Ala Pro Glu Leu Pro Ser Lys Gly Glu
        35                  40                  45

atc aag gcg gtc atc ccc aaa gag tgc ttc gaa cga agc tac ctc cac      192
Ile Lys Ala Val Ile Pro Lys Glu Cys Phe Glu Arg Ser Tyr Leu His
    50                  55                  60

tcc atg tac ttc gtc ctc cgt gac acc gtc atg gcc gtg gcc tgc gcc      240
Ser Met Tyr Phe Val Leu Arg Asp Thr Val Met Ala Val Ala Cys Ala
65                  70                  75                  80

tac atc gcc cac tca acg ctc tcc acc gat att ccc tcc gag tta ctg      288
Tyr Ile Ala His Ser Thr Leu Ser Thr Asp Ile Pro Ser Glu Leu Leu
                85                  90                  95

agc gtg gac gca ctc aaa tgg ttc ctc gga tgg aac acc tac gcc ttt      336
Ser Val Asp Ala Leu Lys Trp Phe Leu Gly Trp Asn Thr Tyr Ala Phe
            100                 105                 110

tgg atg ggg tgc att ctc acc gga cac tgg gtc cta gcc cat gaa tgt      384
Trp Met Gly Cys Ile Leu Thr Gly His Trp Val Leu Ala His Glu Cys
        115                 120                 125

gga cat ggt gca ttc tct ccc tct cag acg ttt aat gac ttt tgg ggg      432
Gly His Gly Ala Phe Ser Pro Ser Gln Thr Phe Asn Asp Phe Trp Gly
    130                 135                 140

ttc att atg cat cag gcg gtg ttg gtt ccg tat ttc gcc tgg cag tac      480
Phe Ile Met His Gln Ala Val Leu Val Pro Tyr Phe Ala Trp Gln Tyr
145                 150                 155                 160

tct cat gcg aag cat cat cga cgt acc aac aac att atg gat ggg gag      528
Ser His Ala Lys His His Arg Arg Thr Asn Asn Ile Met Asp Gly Glu
                165                 170                 175

agc cat gtg ccc aat atc gcc aag gaa atg gga ttg aac gag aag aat      576
Ser His Val Pro Asn Ile Ala Lys Glu Met Gly Leu Asn Glu Lys Asn
            180                 185                 190

gag cgc agt gga gga tat gcc gcc att cat gag gct att gga gat gga      624
Glu Arg Ser Gly Gly Tyr Ala Ala Ile His Glu Ala Ile Gly Asp Gly
        195                 200                 205

ccc ttt gcg atg ttt caa atc ttt gct cac ttg gtg atc ggg tgg cct      672
Pro Phe Ala Met Phe Gln Ile Phe Ala His Leu Val Ile Gly Trp Pro
    210                 215                 220

att tac ttg atg gga ttt gct tcc act gga cgt ctc ggt cag gat ggg      720
Ile Tyr Leu Met Gly Phe Ala Ser Thr Gly Arg Leu Gly Gln Asp Gly
225                 230                 235                 240

aag gaa ctt cag gct gga gag atc atc gac cat tac cgt cct tgg agt      768
Lys Glu Leu Gln Ala Gly Glu Ile Ile Asp His Tyr Arg Pro Trp Ser
                245                 250                 255

aag atg ttc ccc acc aag ttg cga ttc aaa att gct ctt tcg aca ctt      816
Lys Met Phe Pro Thr Lys Leu Arg Phe Lys Ile Ala Leu Ser Thr Leu
            260                 265                 270

gga gtg att gcc gcc tgg gtt ggg ttg tac ttt gct gca caa gag tat      864
Gly Val Ile Ala Ala Trp Val Gly Leu Tyr Phe Ala Ala Gln Glu Tyr
        275                 280                 285

gga gtt ttg ccc gtg gtt ctt tgg tac att ggc cca ctc atg tgg aat      912
Gly Val Leu Pro Val Val Leu Trp Tyr Ile Gly Pro Leu Met Trp Asn
```

```
    290                 295                 300

cag gcg tgg ctt gtg ctc tac act tgg ctt cag cac aat gat ccc tcc      960
Gln Ala Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Asn Asp Pro Ser
305                 310                 315                 320

gtg cct caa tat gga agt gac gaa tgg aca tgg gtc aag gga gct ttg     1008
Val Pro Gln Tyr Gly Ser Asp Glu Trp Thr Trp Val Lys Gly Ala Leu
                325                 330                 335

tcg acg att gat cgc ccg tat ggt atc ttt gac ttc ttc cat cac aag     1056
Ser Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Phe Phe His His Lys
            340                 345                 350

att gga agc act cac gta gct cat cat ttg ttc cac gag atg cca ttt     1104
Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Leu Phe His Glu Met Pro Phe
        355                 360                 365

tac aag gcg gat gtg gct act gcg tcg atc aag ggt ttc ttg gag ccg     1152
Tyr Lys Ala Asp Val Ala Thr Ala Ser Ile Lys Gly Phe Leu Glu Pro
    370                 375                 380

aag gga ctt tac aac tat gat cca acg cct tgg tat gtg gcc atg tgg     1200
Lys Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Pro Thr Pro Trp Tyr Val Ala Met Trp
385                 390                 395                 400

agg gtg gcc aag act tgt cat tat att gag gat gtg gat gga gtt cag     1248
Arg Val Ala Lys Thr Cys His Tyr Ile Glu Asp Val Asp Gly Val Gln
                405                 410                 415

tat tat aag agt ttg gag gat gtg cct ttg aag aag gat gcc aag aag     1296
Tyr Tyr Lys Ser Leu Glu Asp Val Pro Leu Lys Lys Asp Ala Lys Lys
            420                 425                 430

tct gat tag                                                        1305
Ser Asp
```

<210> 110
<211> 434
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 110

```
Met Gly Lys Gly Gly Arg Ser Val Thr Arg Ala Gln Thr Ala Glu Lys
1               5                   10                  15

Ser Ala His Thr Ile Gln Thr Phe Thr Asp Gly Arg Trp Val Ser Pro
            20                  25                  30

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

Ile Lys Ala Val Ile Pro Lys Glu Cys Phe Glu Arg Ser Tyr Leu His
    50                  55                  60

Ser Met Tyr Phe Val Leu Arg Asp Thr Val Met Ala Val Ala Cys Ala
65                  70                  75                  80

Tyr Ile Ala His Ser Thr Leu Ser Thr Asp Ile Pro Ser Glu Leu Leu
                85                  90                  95
```

Ser Val Asp Ala Leu Lys Trp Phe Leu Gly Trp Asn Thr Tyr Ala Phe
100 105 110

Trp Met Gly Cys Ile Leu Thr Gly His Trp Val Leu Ala His Glu Cys
115 120 125

Gly His Gly Ala Phe Ser Pro Ser Gln Thr Phe Asn Asp Phe Trp Gly
130 135 140

Phe Ile Met His Gln Ala Val Leu Val Pro Tyr Phe Ala Trp Gln Tyr
145 150 155 160

Ser His Ala Lys His His Arg Arg Thr Asn Asn Ile Met Asp Gly Glu
165 170 175

Ser His Val Pro Asn Ile Ala Lys Glu Met Gly Leu Asn Glu Lys Asn
180 185 190

Glu Arg Ser Gly Gly Tyr Ala Ala Ile His Glu Ala Ile Gly Asp Gly
195 200 205

Pro Phe Ala Met Phe Gln Ile Phe Ala His Leu Val Ile Gly Trp Pro
210 215 220

Ile Tyr Leu Met Gly Phe Ala Ser Thr Gly Arg Leu Gly Gln Asp Gly
225 230 235 240

Lys Glu Leu Gln Ala Gly Glu Ile Ile Asp His Tyr Arg Pro Trp Ser
245 250 255

Lys Met Phe Pro Thr Lys Leu Arg Phe Lys Ile Ala Leu Ser Thr Leu
260 265 270

Gly Val Ile Ala Ala Trp Val Gly Leu Tyr Phe Ala Ala Gln Glu Tyr
275 280 285

Gly Val Leu Pro Val Val Leu Trp Tyr Ile Gly Pro Leu Met Trp Asn
290 295 300

Gln Ala Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Asn Asp Pro Ser
305 310 315 320

Val Pro Gln Tyr Gly Ser Asp Glu Trp Thr Trp Val Lys Gly Ala Leu
325 330 335

Ser Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Phe Phe His His Lys
340 345 350

Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Leu Phe His Glu Met Pro Phe
355 360 365

```
Tyr Lys Ala Asp Val Ala Thr Ala Ser Ile Lys Gly Phe Leu Glu Pro
    370                 375                 380

Lys Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Pro Thr Pro Trp Tyr Val Ala Met Trp
385                 390                 395                 400

Arg Val Ala Lys Thr Cys His Tyr Ile Glu Asp Val Asp Gly Val Gln
                405                 410                 415

Tyr Tyr Lys Ser Leu Glu Asp Val Pro Leu Lys Lys Asp Ala Lys Lys
            420                 425                 430

Ser Asp
```

<210> 111
<211> 879
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 111

```
atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag      48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1               5                   10                  15

tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt      96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
            20                  25                  30

cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tcg agt acg gcg cat tta ccc gcc     144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
        35                  40                  45

att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc     192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
    50                  55                  60

aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa     240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65                  70                  75                  80

att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg     288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
                85                  90                  95

ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa     336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
            100                 105                 110

gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg     384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
        115                 120                 125

gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata     432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
```

```
     130                 135                 140

tac gag ttt gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg      480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145                 150                 155                 160

caa gta agt ttc cta cac att tat cac cac agc acg att tcc ttt att      528
Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
                165                 170                 175

tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt ggt gat gct tac ttc agc      576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
            180                 185                 190

gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta      624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
        195                 200                 205

tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt      672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
    210                 215                 220

tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc      720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225                 230                 235                 240

aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tcg ttc tct acg tat ccc aag      768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
                245                 250                 255

ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc ggc ttg      816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
            260                 265                 270

ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag      864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
        275                 280                 285

aaa aaa cag cag tga                                                  879
Lys Lys Gln Gln
    290
```

<210> 112
<211> 292
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 112

```
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1               5                   10                  15

Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
            20                  25                  30

Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
        35                  40                  45

Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
    50                  55                  60

Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65                  70                  75                  80
```

```
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
                85                  90                  95

Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
            100                 105                 110

Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
        115                 120                 125

Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
    130                 135                 140

Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145                 150                 155                 160

Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
                165                 170                 175

Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
            180                 185                 190

Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
        195                 200                 205

Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
    210                 215                 220

Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225                 230                 235                 240

Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
                245                 250                 255

Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
            260                 265                 270

Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
        275                 280                 285

Lys Lys Gln Gln
    290
```

<210> 113
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 113

```
atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac        48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1               5                   10                  15

gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc        96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg       144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga       192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg       240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg       288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca       336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg       384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc       432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc tcg cac gtt tat       480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg       528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg       576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc       624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205

att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa       672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac       720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg       768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg       816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
```

```
                260                 265                 270

cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg      864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa                903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 114
<211> 300
<212> PRT
<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 114

```
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1               5                  10                  15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
            20                  25                  30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
        35                  40                  45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
    50                  55                  60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65                  70                  75                  80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
                85                  90                  95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
            100                 105                 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
        115                 120                 125

Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
    130                 135                 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145                 150                 155                 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
                165                 170                 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
            180                 185                 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
        195                 200                 205
```

```
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
    210                 215                 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225                 230                 235                 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
                245                 250                 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
            260                 265                 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
        275                 280                 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
    290                 295                 300
```

<210> 115
<211> 13
<212> PRT
<213> Consenso

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(13)
<223> Xaa en la secuencia en la posición 2, 3, 4, 6, 7, 8 y 9 tiene el significado reproducido en la tabla A

<400> 115

```
Asn Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Met Tyr Xaa Tyr Tyr Xaa
1               5                   10
```

<210> 116
<211> 10
<212> PRT
<213> Consenso

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(10)
<223> Xaa en la posición 3, 4, 5 y 6 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla Ie A.

<400> 116

```
His His Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Ala Trp Trp
1               5                   10
```

<210> 117
<211> 909
<212> ADN
<213> *Xenopus laevis*

<220>

<221> CDS
<222> (1)..(909)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 117

```
atg gcc ttc aag gag ctc aca tca agg gca gtg ctc ctg tat gat gaa      48
Met Ala Phe Lys Glu Leu Thr Ser Arg Ala Val Leu Leu Tyr Asp Glu
1               5                  10                  15

tgg att aaa gat gct gat cct agg gtt gaa gac tgg cca ctc atg tcc      96
Trp Ile Lys Asp Ala Asp Pro Arg Val Glu Asp Trp Pro Leu Met Ser
            20                  25                  30

tct cct atc cta caa acc atc atc atc ggc gct tac atc tac ttt gtc     144
Ser Pro Ile Leu Gln Thr Ile Ile Ile Gly Ala Tyr Ile Tyr Phe Val
        35                  40                  45

aca tca ttg ggc cca agg atc atg gag aac agg aag ccg ttt gct ctg     192
Thr Ser Leu Gly Pro Arg Ile Met Glu Asn Arg Lys Pro Phe Ala Leu
    50                  55                  60

aag gag atc atg gca tgt tac aac tta ttc atg gtt ctg ttt tct gtg     240
Lys Glu Ile Met Ala Cys Tyr Asn Leu Phe Met Val Leu Phe Ser Val
65                  70                  75                  80

tac atg tgc tat gag ttt ctc atg tcg ggc tgg gct act gga tat tcc     288
Tyr Met Cys Tyr Glu Phe Leu Met Ser Gly Trp Ala Thr Gly Tyr Ser
                85                  90                  95

ttt aga tgt gac att gtt gac tac tct cag tca cct cag gcg tta cgg     336
Phe Arg Cys Asp Ile Val Asp Tyr Ser Gln Ser Pro Gln Ala Leu Arg
            100                 105                 110

atg gcc tgg acc tgc tgg ctc ttc tat ttt tca aag ttc att gaa tta     384
Met Ala Trp Thr Cys Trp Leu Phe Tyr Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu
        115                 120                 125

tta gac act gtt ttc ttt gtg ctg cgt aag aag aac agc cag att aca     432
Leu Asp Thr Val Phe Phe Val Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Ile Thr
    130                 135                 140

ttc ctg cac gtc tat cac cac tcc att atg cct tgg acg tgg tgg ttt     480
Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ile Met Pro Trp Thr Trp Trp Phe
145                 150                 155                 160

gga gtc aaa ttt gct cca ggt ggt ttg ggc aca ttc cat gca ctg gtg     528
Gly Val Lys Phe Ala Pro Gly Gly Leu Gly Thr Phe His Ala Leu Val
                165                 170                 175

aac tgt gtg gtc cat gtt atc atg tac agc tac tac ggc ctg tca gcc     576
Asn Cys Val Val His Val Ile Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala
            180                 185                 190

ttg ggg cct gcc tac cag aag tac ctg tgg tgg aaa aag tac atg acg     624
Leu Gly Pro Ala Tyr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Met Thr
        195                 200                 205

tct atc caa ctg acc cag ttc ttg atg gtt act ttt cac atc ggc cag     672
Ser Ile Gln Leu Thr Gln Phe Leu Met Val Thr Phe His Ile Gly Gln
    210                 215                 220

ttc ttc ttc atg gag aat tgc ccg tac cag tat ccc gtc ttc ttg tat     720
Phe Phe Phe Met Glu Asn Cys Pro Tyr Gln Tyr Pro Val Phe Leu Tyr
225                 230                 235                 240

gtc att tgg ctg tac ggg ttc gtt ttc tta atc ttg ttc ctc aac ttc     768
Val Ile Trp Leu Tyr Gly Phe Val Phe Leu Ile Leu Phe Leu Asn Phe
```

```
                    245                 250                 255

tgg ttc cac gct tac atc aaa gga cag agg ctg ccg aaa gcc gtc caa      816
Trp Phe His Ala Tyr Ile Lys Gly Gln Arg Leu Pro Lys Ala Val Gln
            260                 265                 270

aat ggc cac tgc aag aac aac aac aac caa gaa aac act tgg tgc aag      864
Asn Gly His Cys Lys Asn Asn Asn Asn Gln Glu Asn Thr Trp Cys Lys
        275                 280                 285

aac aaa aac cag aaa aac ggt gca ttg aaa agc aaa aac cat tga          909
Asn Lys Asn Gln Lys Asn Gly Ala Leu Lys Ser Lys Asn His
    290                 295                 300
```

<210> 118
<211> 302
<212> PRT
<213> *Xenopus laevis*

<400> 118

```
Met Ala Phe Lys Glu Leu Thr Ser Arg Ala Val Leu Leu Tyr Asp Glu
1               5                   10                  15

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

Ser Pro Ile Leu Gln Thr Ile Ile Ile Gly Ala Tyr Ile Tyr Phe Val
        35                  40                  45

Thr Ser Leu Gly Pro Arg Ile Met Glu Asn Arg Lys Pro Phe Ala Leu
    50                  55                  60

Lys Glu Ile Met Ala Cys Tyr Asn Leu Phe Met Val Leu Phe Ser Val
65                  70                  75                  80

Tyr Met Cys Tyr Glu Phe Leu Met Ser Gly Trp Ala Thr Gly Tyr Ser
                85                  90                  95

Phe Arg Cys Asp Ile Val Asp Tyr Ser Gln Ser Pro Gln Ala Leu Arg
            100                 105                 110

Met Ala Trp Thr Cys Trp Leu Phe Tyr Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu
        115                 120                 125

Leu Asp Thr Val Phe Phe Val Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Ile Thr
    130                 135                 140

Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ile Met Pro Trp Thr Trp Trp Phe
145                 150                 155                 160

Gly Val Lys Phe Ala Pro Gly Gly Leu Gly Thr Phe His Ala Leu Val
                165                 170                 175

Asn Cys Val Val His Val Ile Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala
            180                 185                 190
```

```
Leu Gly Pro Ala Tyr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Met Thr
        195                 200                 205

Ser Ile Gln Leu Thr Gln Phe Leu Met Val Thr Phe His Ile Gly Gln
    210                 215                 220

Phe Phe Phe Met Glu Asn Cys Pro Tyr Gln Tyr Pro Val Phe Leu Tyr
225                 230                 235                 240

Val Ile Trp Leu Tyr Gly Phe Val Phe Leu Ile Leu Phe Leu Asn Phe
                245                 250                 255

Trp Phe His Ala Tyr Ile Lys Gly Gln Arg Leu Pro Lys Ala Val Gln
            260                 265                 270

Asn Gly His Cys Lys Asn Asn Asn Asn Gln Glu Asn Thr Trp Cys Lys
        275                 280                 285

Asn Lys Asn Gln Lys Asn Gly Ala Leu Lys Ser Lys Asn His
    290                 295                 300
```

<210> 119
<211> 870
<212> ADN
<213> *Ciona intestinalis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(870)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 119

```
atg gac gta ctt cat cgt ttc tta gga ttc tac gaa tgg acg ctg act      48
Met Asp Val Leu His Arg Phe Leu Gly Phe Tyr Glu Trp Thr Leu Thr
1               5                  10                  15

ttc gcg gac ccc cga gtg gca aaa tgg cct tta ata gaa aac ccc ctt      96
Phe Ala Asp Pro Arg Val Ala Lys Trp Pro Leu Ile Glu Asn Pro Leu
            20                  25                  30

cct aca att gct att gtg ttg ctg tac ctg gcg ttt gtt ctg tat att     144
Pro Thr Ile Ala Ile Val Leu Leu Tyr Leu Ala Phe Val Leu Tyr Ile
        35                  40                  45

ggg ccg cgt ttt atg cga aaa aga gca cca gtt gac ttt ggt tta ttc     192
Gly Pro Arg Phe Met Arg Lys Arg Ala Pro Val Asp Phe Gly Leu Phe
    50                  55                  60

ctc cct gga tat aac ttt gct ttg gtt gca tta aat tat tat atc ctg     240
Leu Pro Gly Tyr Asn Phe Ala Leu Val Ala Leu Asn Tyr Tyr Ile Leu
65                  70                  75                  80

caa gaa gtg gtc act ggg agt tat ggg gct ggg tat gat ttg gtt tgc     288
Gln Glu Val Val Thr Gly Ser Tyr Gly Ala Gly Tyr Asp Leu Val Cys
                85                  90                  95

aca cca ctt cga agt gat tcc tac gat ccc aat gaa atg aag gtt gca     336
Thr Pro Leu Arg Ser Asp Ser Tyr Asp Pro Asn Glu Met Lys Val Ala
```

```
                100                 105                 110

aac gct gta tgg tgg tat tat gta tcc aag ata ata gag ttg ttt gat      384
Asn Ala Val Trp Trp Tyr Tyr Val Ser Lys Ile Ile Glu Leu Phe Asp
        115                 120                 125

act gtg ttg ttc act cta cgc aaa cga gac cga caa gta act ttc ctt      432
Thr Val Leu Phe Thr Leu Arg Lys Arg Asp Arg Gln Val Thr Phe Leu
    130                 135                 140

cat gtt tat cac cat tct acc atg ccc ctg ttg tgg tgg att ggg gca      480
His Val Tyr His His Ser Thr Met Pro Leu Leu Trp Trp Ile Gly Ala
145                 150                 155                 160

aag tgg gtg cct ggt ggg caa tca ttt gtt ggc atc ata ctg aac tcc      528
Lys Trp Val Pro Gly Gly Gln Ser Phe Val Gly Ile Ile Leu Asn Ser
                165                 170                 175

agt gtt cat gtt atc atg tat acg tac tat gga ttg tca gcc ctg ggg      576
Ser Val His Val Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Leu Gly
            180                 185                 190

cct cac atg cag aag ttt cta tgg tgg aag aaa tat atc aca atg ttg      624
Pro His Met Gln Lys Phe Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Met Leu
        195                 200                 205

caa ctg gtt caa ttt gtt ctt gcc atc tac cat act gct cga tca ttg      672
Gln Leu Val Gln Phe Val Leu Ala Ile Tyr His Thr Ala Arg Ser Leu
    210                 215                 220

tac gtt aaa tgt ccc tcg cct gtt tgg atg cac tgg gca ctt atc ttg      720
Tyr Val Lys Cys Pro Ser Pro Val Trp Met His Trp Ala Leu Ile Leu
225                 230                 235                 240

tac gct ttc tca ttc att ttg ctt ttc tca aac ttc tac atg cat gcc      768
Tyr Ala Phe Ser Phe Ile Leu Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Met His Ala
                245                 250                 255

tat atc aag aaa tca aga aaa ggg aaa gag aat ggc agt cga gga aaa      816
Tyr Ile Lys Lys Ser Arg Lys Gly Lys Glu Asn Gly Ser Arg Gly Lys
            260                 265                 270

ggt ggt gta agt aat gga aag gaa aag ctg cac gct aat ggt aaa acc      864
Gly Gly Val Ser Asn Gly Lys Glu Lys Leu His Ala Asn Gly Lys Thr
        275                 280                 285

gat taa                                                             870
Asp
```

<210> 120
<211> 289
<212> PRT
<213> *Ciona intestinalis*

<400> 120

```
Met Asp Val Leu His Arg Phe Leu Gly Phe Tyr Glu Trp Thr Leu Thr
1               5                   10                  15

Phe Ala Asp Pro Arg Val Ala Lys Trp Pro Leu Ile Glu Asn Pro Leu
            20                  25                  30

Pro Thr Ile Ala Ile Val Leu Leu Tyr Leu Ala Phe Val Leu Tyr Ile
        35                  40                  45
```

```
Gly Pro Arg Phe Met Arg Lys Arg Ala Pro Val Asp Phe Gly Leu Phe
     50                  55                  60

Leu Pro Gly Tyr Asn Phe Ala Leu Val Ala Leu Asn Tyr Tyr Ile Leu
65                  70                  75                  80

Gln Glu Val Val Thr Gly Ser Tyr Gly Ala Gly Tyr Asp Leu Val Cys
                85                  90                  95

Thr Pro Leu Arg Ser Asp Ser Tyr Asp Pro Asn Glu Met Lys Val Ala
            100                 105                 110

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

Thr Val Leu Phe Thr Leu Arg Lys Arg Asp Arg Gln Val Thr Phe Leu
    130                 135                 140

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

Lys Trp Val Pro Gly Gly Gln Ser Phe Val Gly Ile Ile Leu Asn Ser
                165                 170                 175

Ser Val His Val Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Leu Gly
            180                 185                 190

Pro His Met Gln Lys Phe Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Met Leu
        195                 200                 205

Gln Leu Val Gln Phe Val Leu Ala Ile Tyr His Thr Ala Arg Ser Leu
    210                 215                 220

Tyr Val Lys Cys Pro Ser Pro Val Trp Met His Trp Ala Leu Ile Leu
225                 230                 235                 240

Tyr Ala Phe Ser Phe Ile Leu Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Met His Ala
                245                 250                 255

Tyr Ile Lys Lys Ser Arg Lys Gly Lys Glu Asn Gly Ser Arg Gly Lys
            260                 265                 270

Gly Gly Val Ser Asn Gly Lys Glu Lys Leu His Ala Asn Gly Lys Thr
        275                 280                 285

Asp
```

<210> 121
<211> 30
<212> ADN
<213> Cebador

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(30)

<223>

<400> 121
aggatccatg gccttcaagg agctcacatc 30

<210> 122
<211> 35
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(35)
<223>

<400> 122
cctcgagtca atggtttttg cttttcaatg caccg 35

<210> 123
<211> 25
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(25)
<223>

<400> 123
taagcttatg gacgtacttc atcgt 25

<210> 124
<211> 26
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 124
tcagatcttt aatcggtttt accatt 26

<210> 125
<211> 34
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(34)
<223>

<400> 125
gcggccgcac catggccttc aaggagctca catc 34

<210> 126
<211> 38
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(38)
<223>

<400> 126
gcggccgcct tcaatggttt ttgcttttca atgcaccg 38

<210> 127
<211> 29
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 127
gcggccgcac catggacgta cttcatcgt 29

<210> 128
<211> 27
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(27)
<223>

<400> 128
gcggccgctt taatcggttt taccatt 27

<210> 129
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 129
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 130
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 130
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 131

<211> 789
<212> ADN
<213> *Euglena gracilis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 131

```
atg ctg ggg gcc atc gcg gac gtc gtg ctc cgg ggg ccc gcc gca ttc        48
Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
1               5                  10                  15

cac tgg gac cct gcc acc acc ccg ctc gca tcg atc gtc agc ccc tgt        96
His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
            20                  25                  30

gtg gcc tcc gtg gcg tac ctg ggg gcc atc ggg ctg ctg aag cgc cgc       144
Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
        35                  40                  45

act gga ccg gag gtc cgc tcc aag ccc ttc gag ctg cta cac aac ggg       192
Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
    50                  55                  60

ctg ctg gtg ggc tgg tcc ctc gtg gtg ctg ctc ggg acg ctg tac ggc       240
Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
65                  70                  75                  80

gcg ttc cag cgc gtg cag gag gac ggc cgg ggg gtg cag gcc ctc ctg       288
Ala Phe Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
                85                  90                  95

tgc acc cag cgg cca cca tct cag atc tgg gac ggc ccg gtg ggg tac       336
Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
            100                 105                 110

ttc acg tac ctc ttc tac ctc gcg aag tac tgg gag ctg gcg gac act       384
Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Ala Asp Thr
        115                 120                 125

gtc atc ctc gcc ctc cgc cag aag ccc acc atc ccc ctc cac gtc tac       432
Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
    130                 135                 140

cat cac gcc gtc atg ctg ttc atc gtg tgg tcg tgg ttc gcg cac ccc       480
His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
145                 150                 155                 160

tgg ctc gag ggg agc tgg tgg tgc tcc ctg gtc aac tct ttc atc cac       528
Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
                165                 170                 175
```

```
acg gtg atg tac tcg tac tac acc ctg acg gtg gtt ggc atc aac cct      576
Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
            180                 185                 190

tgg tgg aag aag tgg atg acc acc atg cag atc atc cag ttc atc acg      624
Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
        195                 200                 205

ggc tgc gtg tac gtc atg gcg ttc ttc ggc cta tat tat gcc ggg gcg      672
Gly Cys Val Tyr Val Met Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
    210                 215                 220

ggc tgc acc tcc aac gtg tac act gcc tgg ttc tcg atg ggg gtc aac      720
Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
225                 230                 235                 240

ctc agc ttt ctg tgg ctc ttc gct ctt ttc ttc cgc cgg tca tac agc      768
Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
                245                 250                 255

aaa cct agc cgg aag gag tag                                         789
Lys Pro Ser Arg Lys Glu
            260
```

<210> 132
<211> 262
<212> PRT
<213> *Euglena gracilis*

<400> 132

```
Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
1               5                   10                  15

His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
            20                  25                  30

Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
        35                  40                  45

Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
    50                  55                  60

Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
65                  70                  75                  80

Ala Phe Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
                85                  90                  95

Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
            100                 105                 110

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

Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
    130                 135                 140
```

```
His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
145                 150                 155                 160

Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
                165                 170                 175

Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
            180                 185                 190

Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
        195                 200                 205

Gly Cys Val Tyr Val Met Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
    210                 215                 220

Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
225                 230                 235                 240

Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
                245                 250                 255

Lys Pro Ser Arg Lys Glu
            260
```

<210> 133
<211> 789
<212> ADN
<213> *Euglena gracilis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 133

```
atg ctg ggg gcc atc gcg gac gtc gtg ctc cgg ggg ccc gcc gca ttc      48
Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
1               5                   10                  15

cac tgg gac cct gcc acc acc ccg ctc gca tcg atc gtc agc ccc tgt      96
His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
            20                  25                  30

gtg gcc tcc gtg gcg tac ctg ggg gcc atc ggg ctg ctg aag cgc cgc     144
Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
        35                  40                  45

act gga ccg gag gtc cgc tcc aag ccc ttc gag ctg cta cac aac ggg     192
Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
    50                  55                  60

ctg ctg gtg ggc tgg tcc ctc gtg gtg ctg ctc ggg acg ctg tac ggc     240
Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
65                  70                  75                  80

gcg tac cag cgc gtg cag gag gac ggc cgg ggg gtg cag gcc ctg ctg     288
Ala Tyr Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Lau
                85                  90                  95
```

```
tgc acc cag cgg cca cca tct cag atc tgg gac ggc ccg gtg ggg tac      336
Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
            100                 105                 110

ttc acg tac ctt ttc tac ctc gcg aag tac tgg gag ctg gtg gac act      384
Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Val Asp Thr
        115                 120                 125

gtc atc ctc gcc ctc cgc cag aag ccc acc atc ccc ctc cac gtc tac      432
Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
    130                 135                 140

cat cac gcc gtc atg ctg ttc att gtg tgg tcg tgg ttc gcg cac ccc      480
His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
145                 150                 155                 160

tgg ctc gag ggg agc tgg tgg tgc tcc ctg gtc aac tct ttc atc cac      528
Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
                165                 170                 175

acg gtg atg tac tcg tat tac acc ctg acg gtg gtt ggc atc aac cct      576
Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
            180                 185                 190

tgg tgg aag aag tgg atg acc acc atg cag atc atc cag ttc atc acg      624
Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
        195                 200                 205

ggc tgc gtg tac gtc acg gcg ttc ttc ggc cta tac tat gcc ggg gcg      672
Gly Cys Val Tyr Val Thr Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
    210                 215                 220

ggc tgc acc tcc aac gtg tac act gcc tgg ttc tcg atg ggg gtc aac      720
Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
225                 230                 235                 240

ctc agc ttt ctg tgg ctc ttc gct ctt ttc ttc cgc cgg tcg tac agc      768
Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
                245                 250                 255

aaa cct agc cgg aag gag tag                                          789
Lys Pro Ser Arg Lys Glu
            260
```

<210> 134
<211> 262
<212 > PRT
<213> *Euglena gracilis*

<400> 134

```
Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
1               5                   10                  15

His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
            20                  25                  30

Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
        35                  40                  45

Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
    50                  55                  60
```

```
Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
65                  70                  75                  80

Ala Tyr Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
                85                  90                  95

Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
            100                 105                 110

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

Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
    130                 135                 140

His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
145                 150                 155                 160

Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
                165                 170                 175

Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
            180                 185                 190

Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
        195                 200                 205

Gly Cys Val Tyr Val Thr Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
    210                 215                 220

Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
225                 230                 235                 240

Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
                245                 250                 255

Lys Pro Ser Arg Lys Glu
            260
```

<210> 135
<211> 897
<212> ADN
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(897)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 135

```
atg gca tct gtt tac tcc acc cta acc tac tgg ctc gtc cac cac ccc      48
Met Ala Ser Val Tyr Ser Thr Leu Thr Tyr Trp Leu Val His His Pro
1               5                   10                  15
```

```
tac att gcc aac ttc acg tgg acc gaa ggt gaa aca cta ggc tcc acc        96
Tyr Ile Ala Asn Phe Thr Trp Thr Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
            20                  25                  30

gtt ttc ttt gtc ttt gtc gtc gtc tcc ctt tac ctc tcc gcc aca ttc       144
Val Phe Phe Val Phe Val Val Val Ser Leu Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
        35                  40                  45

ctc ctc cga tac acc gtc gat tca ctc ccc aca ctc ggt ccc cgc att       192
Leu Leu Arg Tyr Thr Val Asp Ser Leu Pro Thr Leu Gly Pro Arg Ile
    50                  55                  60

ctc aaa cca atc aca gcc gtt cac agc ctc att ctc ttc ctc ctc tcc       240
Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Phe Leu Leu Ser
65                  70                  75                  80

tta acc atg gcc gtt ggt tgc act ctc tcc cta atc tct tcc tcg gac       288
Leu Thr Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Leu Ile Ser Ser Ser Asp
                85                  90                  95

ccg aag gcg cgt ctc ttc gac gcc gct tgt ttc ccc ctc gac gtg aaa       336
Pro Lys Ala Arg Leu Phe Asp Ala Val Cys Phe Pro Leu Asp Val Lys
            100                 105                 110

cct aag gga ccg ctt ttc ttt tgg gct caa gtc ttt tac ctc tcg aag       384
Pro Lys Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr Leu Ser Lys
        115                 120                 125

atc ctt gag ttc gta gac aca ctt ctc atc ata ctc aac aaa tca atc       432
Ile Leu Glu Phe Val Asp Thr Leu Leu Ile Ile Leu Asn Lys Ser Ile
    130                 135                 140

caa cgg ctc tcg ttc ctc cac gtc tac cac cac gca acg gtt gtg att       480
Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr Val Val Ile
145                 150                 155                 160

ttg tgc tac ctc tgg tta cga aca cgt caa tcg atg ttt cct gtt ggg       528
Leu Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe Pro Val Gly
                165                 170                 175

ctc gtg ttg aac tcg acg gtc cat gtg att atg tac ggg tac tat ttc       576
Leu Val Leu Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly Tyr Tyr Phe
            180                 185                 190

ctc tgc gct atc gga tcg agg ccc aag tgg aag aag ttg gtg acg aat       624
Leu Cys Ala Ile Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Lys Leu Val Thr Asn
        195                 200                 205

ttt caa atg gtt cag ttt gct ttc ggc atg ggg tta gga gcc gct tgg       672
Phe Gln Met Val Gln Phe Ala Phe Gly Met Gly Leu Gly Ala Ala Trp
    210                 215                 220

atg ctc cca gag cat tat ttc ggg tcg ggt tgc gcc ggg att tgg aca       720
Met Leu Pro Glu His Tyr Phe Gly Ser Gly Cys Ala Gly Ile Trp Thr
225                 230                 235                 240

gct tat ttc aat ggt gtg ttt act gct tct cta ttg gct ctc ttc tac       768
Val Tyr Phe Asn Gly Val Phe Thr Ala Ser Leu Leu Ala Leu Phe Tyr
                245                 250                 255

aac ttc cac tcc aag aac tat gag aag act aca acg tcg cct ttg tat       816
Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Glu Lys Thr Thr Thr Ser Pro Leu Tyr
            260                 265                 270

aag atc gaa tcc ttt ata ttt att cac gga gag agg tgg gca aat aaa       864
Lys Ile Glu Ser Phe Ile Phe Ile His Gly Glu Arg Trp Ala Asn Lys
        275                 280                 285

gcg att aca tta ttt tcc aag aaa aac gat taa                          897
Ala Ile Thr Leu Phe Ser Lys Lys Asn Asp
    290                 295
```

<210> 136
<211> 298
<212> PRT
<213> *Arabidopsis thaliana*,

<400> 136

```
Met Ala Ser Val Tyr Ser Thr Leu Thr Tyr Trp Leu Val His His Pro
1               5                  10                  15

Tyr Ile Ala Asn Phe Thr Trp Thr Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
            20                  25                  30

Val Phe Phe Val Phe Val Val Val Ser Leu Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
        35                  40                  45

Leu Leu Arg Tyr Thr Val Asp Ser Leu Pro Thr Leu Gly Pro Arg Ile
    50                  55                  60

Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Phe Leu Leu Ser
65                  70                  75                  80

Leu Thr Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Leu Ile Ser Ser Ser Asp
                85                  90                  95

Pro Lys Ala Arg Leu Phe Asp Ala Val Cys Phe Pro Leu Asp Val Lys
            100                 105                 110

Pro Lys Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr Leu Ser Lys
        115                 120                 125

Ile Leu Glu Phe Val Asp Thr Leu Leu Ile Ile Leu Asn Lys Ser Ile
    130                 135                 140

Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr Val Val Ile
145                 150                 155                 160

Leu Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe Pro Val Gly
                165                 170                 175

Leu Val Leu Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly Tyr Tyr Phe
            180                 185                 190

Leu Cys Ala Ile Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Lys Leu Val Thr Asn
        195                 200                 205

Phe Gln Met Val Gln Phe Ala Phe Gly Met Gly Leu Gly Ala Ala Trp
    210                 215                 220
```

```
Met Leu Pro Glu His Tyr Phe Gly Ser Gly Cys Ala Gly Ile Trp Thr
225                 230                 235                 240

Val Tyr Phe Asn Gly Val Phe Thr Ala Ser Leu Leu Ala Leu Phe Tyr
                245                 250                 255

Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Glu Lys Thr Thr Thr Ser Pro Leu Tyr
            260                 265                 270

Lys Ile Glu Ser Phe Ile Phe Ile His Gly Glu Arg Trp Ala Asn Lys
        275                 280                 285

Ala Ile Thr Leu Phe Ser Lys Lys Asn Asp
    290                 295
```

<210> 137
<211> 837
<212> ADN
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..1837)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 137

```
atg gca tca att tac tcc tct tta acc tac tgg ctc gtt aac cac ccc      48
Met Ala Ser Ile Tyr Ser Ser Leu Thr Tyr Trp Leu Val Asn His Pro
1               5                   10                  15

tac atc tcc aat ttt act tgg atc gaa ggt gaa acc cta ggc tcc acc      96
Tyr Ile Ser Asn Phe Thr Trp Ile Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
            20                  25                  30

gtc ttt ttc gca tcc gtc gta gtc tcc gtt tac ctc tcc gcc acg ttc     144
Val Phe Phe Val Ser Val Val Val Ser Val Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
        35                  40                  45

ctc ctc cga tcc gcc atc gat tca ctc cca tca ctc agt cca cgt atc     192
Leu Leu Arg Ser Ala Ile Asp Ser Leu Pro Ser Leu Ser Pro Arg Ile
    50                  55                  60

ctc aaa ccg atc aca gcc gtc cac agc cta atc ctc tgt ctc ctc tcc     240
Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Cye Leu Leu Ser
65                  70                  75                  80

tta gtc atg gcc gtc ggt tgc act ctc tca ata acc tca tct cac gcg     288
Leu Val Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Ile Thr Ser Ser His Ala
                85                  90                  95

tct tca gat ccg atg gcg cgt ttc ctt cac gcg att tgc ttt ccc gtc     336
Ser Ser Asp Pro Met Ala Arg Phe Leu His Ala Ile Cys Phe Pro Val
            100                 105                 110

gac gtt aaa cct aac gga ccg ctt ttc ttc tgg gct caa gtc ttc tac     384
Asp Val Lys Pro Asn Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr
        115                 120                 125

ctc tcg aag atc ctc gag ttc gga gac acg atc ctc atc ata ctc ggc     432
Leu Ser Lys Ile Leu Glu Phe Gly Asp Thr Ile Leu Ile Ile Leu Gly
    130                 135                 140
```

```
aaa tca atc caa cgg cta tcc ttc ctc cac gtg tac cac cac gcg acg      480
Lys Ser Ile Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr
145                 150                 155                 160

gtt gtg gtc atg tgt tat ctc tgg ctc cga act cgc caa tcg atg ttt      528
Val Val Val Met Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe
                165                 170                 175

ccg att gcg ctc gtg acg aat tcg acg gta cac gtc atc atg tac ggt      576
Pro Ile Ala Leu Val Thr Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly
            180                 185                 190

tac tac ttc ctc tgc gcc gtt gga tcg agg ccc aag tgg aag aga ttg      624
Tyr Tyr Phe Leu Cys Ala Val Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Arg Leu
        195                 200                 205

gtg acg gat tgt cag att gtt cag ttt gtt ttc agt ttc ggg tta tcc      672
Val Thr Asp Cys Gln Ile Val Gln Phe Val Phe Ser Phe Gly Leu Ser
    210                 215                 220

ggt tgg atg ctc cga gag cac tta ttc ggg tcg ggt tgc acc ggg att      720
Gly Trp Met Leu Arg Glu His Leu Phe Gly Ser Gly Cys Thr Gly Ile
225                 230                 235                 240

tgg gga tgg tgt ttc aac gct gca ttt aat gct tct ctt ttg gct ctc      768
Trp Gly Trp Cys Phe Asn Ala Ala Phe Asn Ala Ser Leu Leu Ala Leu
                245                 250                 255

ttt tcc aac ttc cat tca aag aat tat gtc aag aag cca acg aga gag      816
Phe Ser Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Val Lys Lys Pro Thr Arg Glu
            260                 265                 270

gat ggc aaa aaa agc gat tag                                         837
Asp Gly Lys Lys Ser Asp
        275
```

<210> 138
<211> 278
<212> PRT
<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 138

```
Met Ala Ser Ile Tyr Ser Ser Leu Thr Tyr Trp Leu Val Asn His Pro
1               5                   10                  15

Tyr Ile Ser Asn Phe Thr Trp Ile Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
            20                  25                  30

Val Phe Phe Val Ser Val Val Val Ser Val Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
        35                  40                  45

Leu Leu Arg Ser Ala Ile Asp Ser Leu Pro Ser Leu Ser Pro Arg Ile
    50                  55                  60

Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Cys Leu Leu Ser
65                  70                  75                  80

Leu Val Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Ile Thr Ser Ser His Ala
                85                  90                  95
```

```
Ser Ser Asp Pro Met Ala Arg Phe Leu His Ala Ile Cys Phe Pro Val
            100                 105                 110

Asp Val Lys Pro Asn Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr
        115                 120                 125

Leu Ser Lys Ile Leu Glu Phe Gly Asp Thr Ile Leu Ile Ile Leu Gly
    130                 135                 140

Lys Ser Ile Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr
145                 150                 155                 160

Val Val Val Met Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe
                165                 170                 175

Pro Ile Ala Leu Val Thr Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly
            180                 185                 190

Tyr Tyr Phe Leu Cys Ala Val Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Arg Leu
        195                 200                 205

Val Thr Asp Cys Gln Ile Val Gln Phe Val Phe Ser Phe Gly Leu Ser
    210                 215                 220

Gly Trp Met Leu Arg Glu His Leu Phe Gly Ser Gly Cys Thr Gly Ile
225                 230                 235                 240

Trp Gly Trp Cys Phe Asn Ala Ala Phe Asn Ala Ser Leu Leu Ala Leu
                245                 250                 255

Phe Ser Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Val Lys Lys Pro Thr Arg Glu
            260                 265                 270

Asp Gly Lys Lys Ser Asp
        275
```

<210> 139
<211> 6
<212> PRT
<213> Consenso

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(6)
<223> Xaa en la posición 3 y 4 la secuencia tiene el significado y reproducción de la tabla A

<400> 139

```
Leu His Xaa Xaa His His
1               5
```

<210> 140
<211> 8
<212> PRT
<213> Consenso

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(8)
<223> Xaa en la posición 2, 3, 5 y 6 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla Ie A.

<400> 140

Thr Xaa Xaa Gln Xaa Xaa Gln Phe
1 5

<210> 141
<211> 6
<212> PRT
<213> Consenso

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(6)
<223> Xaa en la posición 3 tiene el significado reproducido en la tabla A.

<400> 141

Asp Thr Xaa Phe Met Val
1 5

<210> 142
<211> 8
<212> PRT
<213> Consenso

<220>

<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(8)
<223> Xaa en la posición 5 y 6 tiene el significado reproducido en la Tabla A

<400> 142

Thr Gln Ala Gln Xaa Xaa Gln Phe
1 5

<210> 143
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 143
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 144
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 144
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggdtctgc tggctatgaa 60

<210> 145
<211> 36
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(36)
<223>

<400> 145
ggtaccacat aatgtgcgtg gagacggaaa ataacg 36

<210> 146
<211> 33
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(33)
<223>

<400> 146
ctcgagttac gccgtctttc cggagtgttg gcc 33

<210> 147
<211> 24
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 147
gcggccgctt acgtggactt ggtc 24

<210> 148
<211> 24
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 148
gcggccgcat ggcgacgaag gagg 24

<210> 149
<211> 25
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(25)
<223>

<400> 149
taagcttaca tggcgaegaa ggagg 25

<210> 150
<211> 24
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 150
tggatacaet tacgtggact tggt 24

<210> 151
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 151
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 152
<211> 31
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 152
gcggccgcac catgtgctca ccaccgccgt c 31

<210> 153
<211> 26
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 153
geggccgcct acatggcacc agtaac 26

<210> 154
<211> 31

<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 154
geggeegeac catgtgctca tcaccgccgt c 31

<210> 155
<211> 26
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 155
gcggccgcct acatggcacc agtaac 26

<210> 156
<211> 31
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 156
gcggccgcac catggacgcc tacaacgctg c 31

<210> 157
<211> 27
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(27)
<223>

<400> 157
gcggccgcct aagcactctt cttcttt 27

<210> 158
<211> 23
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223>

<400> 158

accatgtgct caccaccgcc gtc 23

<210> 159
<211> 18
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(18)
<223>

<400> 159
ctacatggca ccagtaac 18

<210> 160
<211> 23
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223>

<400> 160
accatgtgct catcaccgcc gtc 23

<210> 161
<211> 18
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(18)
<223>

<400> 161
ctacatggca ccagtaac 18

<210> 162
<211> 23
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223>

<400> 162
accatggacg cctacaacgc tgc 23

<210> 163
<211> 19
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(19)
<223>

<400> 163
ctaagcactc ttcttcttt 19

<210> 164
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 164
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 165
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 165
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 166
<211> 29
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 166
gcggccgcat aatgacgagc aacatgagc 29

<210> 167
<211> 29
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 167
gcggccgctt aggccgactt ggccttggg 29

<210> 168
<211> 34
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(34)
<223>

<400> 168
gcggccgcac catggacgtc gtcgagcagc aatg 34

<210> 169
<211> 36
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(36)
<223>

<400> 169
gcggccgctt agatggtett ctgcttcttg ggcgcc 36

<210> 170
<211> 23
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(231
<223>

<400> 170
gacataatga cgagcaacat gag 23

<210> 171
<211> 25
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(251
<223>

<400> 171
cggcttaggc cgacttggcc ttggg 25

<210> 172
<211> 30
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(30)
<223>

<400> 172
agacataatg gacgtcgtcg agcagcaatg 30

<210> 173
<211> 28
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(28)
<223>

<400> 173
ttagatggtc ttctgcttet tgggcgcc 28

<210> 174
<211> 60
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 174
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 175
<211> 29
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 175
gcggccgcat aatggcttca acatggcaa 29

<210> 176
<211> 32
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(32)
<223>

<400> 176
gcggccgctt atgtcttctt gctcttcctg tt 32

<210> 177
<211> 26
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 177
gcggccgcat aatggagact tttaat 26

<210> 178
<211> 28
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(28)
<223>

<400> 178
gcggccgctc agtcccccct cactttcc 28

<210> 179
<211> 29
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 179
aagcttacat aatggcttca acatggcaa 29

<210> 180
<211> 30
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(30)
<223>

<400> 180
ggatccttat gtettcttgc tcttcctgtt 30

<210> 181
<211> 26
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 181
aagcttacat aatggagact tttaat 26

<210> 182
<211> 27
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(27)
<223>

<400> 182
ggatccttca gtccccctc actttcc 27

<210> 183
<211> 993
<212> ADN
<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>
<221> CDS
<222> (103)..(939)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 183

```
ggtcttttgt ggtagctatc gtcatcacac gcaggtcgtt gctcactatc gtgatccgta      60

tattgaccgt gcacttgtgt aaaacagaga tatttcaaga gt atg atg gta cct        114
                                                Met Met Val Pro
                                                1

tca agt tat gac gag tat atc gtc atg gtc aac gac ctt ggc gac tct       162
Ser Ser Tyr Asp Glu Tyr Ile Val Met Val Asn Asp Leu Gly Asp Ser
5                   10                  15                  20

att ctg agc tgg gcc gac cct gat cac tat cgt gga cat acc gag gga       210
Ile Leu Ser Trp Ala Asp Pro Asp His Tyr Arg Gly His Thr Glu Gly
                25                  30                  35

tgg gag ttc act gac ttt tct gct gct ttt agc att gcc gtc gcg tac       258
Trp Glu Phe Thr Asp Phe Ser Ala Ala Phe Ser Ile Ala Val Ala Tyr
```

```
                40                  45                  50

ctc ctg ttt gtc ttt gtt gga tct ctc att atg agt atg gga gtc ccc      306
Leu Leu Phe Val Phe Val Gly Ser Leu Ile Met Ser Met Gly Val Pro
        55                  60                  65

gca att gac cct tat ccg ctc aag ttt gtc tac aat gtt tca cag att      354
Ala Ile Asp Pro Tyr Pro Leu Lys Phe Val Tyr Asn Val Ser Gln Ile
    70                  75                  80

atg ctt tgt gct tac atg acc att gaa gcc agt ctt cta gct tat cgt      402
Met Leu Cys Ala Tyr Met Thr Ile Glu Ala Ser Leu Leu Ala Tyr Arg
85                  90                  95                  100

aac ggc tac aca ttc tgg cct tgc aac gat tgg gac ttt gaa aag ccg      450
Asn Gly Tyr Thr Phe Trp Pro Cys Asn Asp Trp Asp Phe Glu Lys Pro
                105                 110                 115

cct atc gct aag ctc ctc tgg ctc ttt tac gtt tcc aaa att tgg gat      498
Pro Ile Ala Lys Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Val Ser Lys Ile Trp Asp
            120                 125                 130

ttt tgg gac acc atc ttt att gtt ctc ggg aag aag tgg cgt caa ctt      546
Phe Trp Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu
        135                 140                 145

tcc ttc ctg cac gtc tac cat cac acc acc atc ttt ctc ttc tac tgg      594
Ser Phe Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp
    150                 155                 160

ttg aat gca cat gta aac ttt gat ggt gat att ttc ctc acc atc gtc      642
Leu Asn Ala His Val Asn Phe Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Val
165                 170                 175                 180

ttg aac ggt ttc atc cac acc gtc atg tac acg tac tac ttc att tgc      690
Leu Asn Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys
                185                 190                 195

atg cac acc aag gtc cca gag acc ggc aaa tcc ttg ccc att tgg tgg      738
Met His Thr Lys Val Pro Glu Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp
            200                 205                 210

aaa tct agt ttg aca agc atg cag ctg gtg cag ttc atc acg atg atg      786
Lys Ser Ser Leu Thr Ser Met Gln Leu Val Gln Phe Ile Thr Met Met
        215                 220                 225

acg cag gct atc atg atc ttg tac aag ggc tgt gct gct ccc cat agc      834
Thr Gln Ala Ile Met Ile Leu Tyr Lys Gly Cys Ala Ala Pro His Ser
    230                 235                 240

cgg gtg gtg aca tcg tac ttg gtt tac att ttg tcg ctc ttt att ttg      882
Arg Val Val Thr Ser Tyr Leu Val Tyr Ile Leu Ser Leu Phe Ile Leu
245                 250                 255                 260

ttc gcc cag ttc ttt gtc agc tca tac ctc aag ccg aag aag aag aag      930
Phe Ala Gln Phe Phe Val Ser Ser Tyr Leu Lys Pro Lys Lys Lys Lys
                265                 270                 275

aca gct taa gcgaaatttg ggtctacgtt aaaacaatta cgttacaaaa              979
Thr Ala

aaaaaaaaaa aaaa                                                     993
```

<210> 184
<211> 278
<212> PRT
<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 184

```
Met Met Val Pro Ser Ser Tyr Asp Glu Tyr Ile Val Met Val Asn Asp
1               5                  10                  15

Leu Gly Asp Ser Ile Leu Ser Trp Ala Asp Pro Asp His Tyr Arg Gly
            20                  25                  30

His Thr Glu Gly Trp Glu Phe Thr Asp Phe Ser Ala Ala Phe Ser Ile
        35                  40                  45

Ala Val Ala Tyr Leu Leu Phe Val Phe Val Gly Ser Leu Ile Met Ser
    50                  55                  60

Met Gly Val Pro Ala Ile Asp Pro Tyr Pro Leu Lys Phe Val Tyr Asn
65                  70                  75                  80

Val Ser Gln Ile Met Leu Cys Ala Tyr Met Thr Ile Glu Ala Ser Leu
                85                  90                  95

Leu Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Phe Trp Pro Cys Asn Asp Trp Asp
            100                 105                 110

Phe Glu Lys Pro Pro Ile Ala Lys Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Val Ser
        115                 120                 125

Lys Ile Trp Asp Phe Trp Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys
    130                 135                 140

Trp Arg Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe
145                 150                 155                 160

Leu Phe Tyr Trp Leu Asn Ala His Val Asn Phe Asp Gly Asp Ile Phe
                165                 170                 175

Leu Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr
            180                 185                 190

Tyr Phe Ile Cys Met His Thr Lys Val Pro Glu Thr Gly Lys Ser Leu
        195                 200                 205

Pro Ile Trp Trp Lys Ser Ser Leu Thr Ser Met Gln Leu Val Gln Phe
    210                 215                 220

Ile Thr Met Met Thr Gln Ala Ile Met Ile Leu Tyr Lys Gly Cys Ala
225                 230                 235                 240

Ala Pro His Ser Arg Val Val Thr Ser Tyr Leu Val Tyr Ile Leu Ser
                245                 250                 255

Leu Phe Ile Leu Phe Ala Gln Phe Phe Val Ser Ser Tyr Leu Lys Pro
            260                 265                 270

Lys Lys Lys Lys Thr Ala
        275
```

<210> 185
<211> 20
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(201
<223> N en la posición 3 y 18 significa C o T.

<400> 185
aanctuctut ggctuttnta 20

<210> 186
<211> 23
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223> N en la posición 3 y 15 significa C o T. N en la posición 9, 12 y 21 significa A o G.

<400> 186
gantguacna anaantgugc naa 23

<210> 187
<211> 446
<212> ADN
<213> Fragmento de PCR

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(446)
<223> Fragmento de PCR

<400> 187

aagctcctct ggctctttta cgtttccaaa atttgggatt tttgggacac catctttatt 60

gttctcggga agaagtggcg tcaactttcc ttcctgcacg tctaccatca caccaccatc 120

tttctctttct actggttgaa tgcacatgta aactttgatg gtgatatttt cctcaccatc 180

gtcttgaacg gtttcatcca caccgtcatg tacacgtact acttcatttg catgcacacc 240

aaggtcccag agaccggcaa atccttgccc atttggtgga aatctagttt gacaagcatg 300

cagctggtgc agttcatcac gatgatgacg caggctatca tgatcttgta caagggctgt 360

gctgctcccc atagccgggt ggtgacatcg tacttggttt acattttgtc gctctttatt 420

ttgttcgccc agttctttgt cagctc 446

<210> 188
<211> 30
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(30)
<223>

<400> 188
gcggccgcac ataatgatgg taccttcaag 30

<210> 189
<211> 22
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(22)
<223>

<400> 189
gaagacagct taatagacta gt 22

<210> 190
<211> 31
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..131)
<223>

<400> 190
gcggccgcac catgatggta ccttcaagtt a 31

<210> 191
<211> 24
<212> ADN
<213> Cebador

<220>

<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 191
gaagacagct taataggcgg ccgc 24

<210> 192
<211> 859
<212> ADN
<213> Producto de PCR

<400> 192

```
gcggccgcac ataatgatgg taccttcaag ttatgacgag tatatcgtca tggtcaacga     60

ccttggcgac tctattctga gctgggccga ccctgatcac tatcgtggac ataccgaggg    120

atgggagttc actgactttt ctgctgcttt tagcattgcc gtcgcgtacc tcctgtttgt    180

ctttgttgga tctctcatta tgagtatggg agtccccgca attgaccctt atccgctcaa    240

gtttgtctac aatgtttcac agattatgct ttgtgcttac atgaccattg aagccagtct    300

tctagcttat cgtaacggct acacattctg gccttgcaac gattgggact ttgaaaagcc    360

gcctatcgct aagctcctct ggctctttta cgtttccaaa atttgggatt tttgggacac    420

catctttatt gttctcggga agaagtggcg tcaactttcc ttcctgcacg tctaccatca    480

caccaccatc tttctcttct actggttgaa tgcacatgta aactttgatg gtgatatttt    540

cctcaccatc gtcttgaacg gtttcatcca caccgtcatg tacacgtact acttcatttg    600

catgcacacc aaggtcccag agaccggcaa atccttgccc atttggtgga aatctagttt    660

gacaagcatg cagctggtgc agttcatcac gatgatgacg caggctatca tgatcttgta    720

caagggctgt gctgctcccc atagccgggt ggtgacatcg tacttggttt acattttgtc    780

gctctttatt ttgttcgccc agttctttgt cagctcatac ctcaagccga agaagaagaa    840

gacagcttaa tagactagt                                                 859
```

REIVINDICACIONES

1. Ácido nucleico aislado con una secuencia que codifica un polipéptido con actividad Δ6-elongasa, con

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 45,
b) un ácido nucleico, que puede derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 46 o
c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 45, que codifica polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 46 y presenta una actividad Δ6-elongasa.

2. Secuencia de aminoácidos que es codificada por el ácido nucleico aislado con una secuencia según la reivindicación 1.

3. Construcción génica que contiene el ácido nucleico aislado según las reivindicaciones 1 o 2, en donde el ácido nucleico está unido de manera funcional a una o varias señales de regulación.

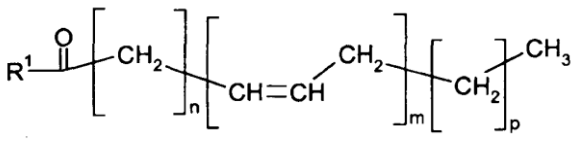
4. Construcción génica según la reivindicación 3, **caracterizada porque** la construcción de ácido nucleico contiene genes de biosíntesis adicionales del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos seleccionados del grupo de acil-CoA-deshidrogenasa(s), acil-ACP [=proteína portadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasas, lipoxigenasas, triacilglicerol-lipasas, óxido de aleno-sintasas, hidroperóxido-liasas o ácido graso-elongasa(s).

5. Construcción génica según las reivindicaciones 3 o 4, **caracterizada porque** la construcción de ácido nucleico contiene genes de biosíntesis adicionales del metabolismo de ácidos grasos o de lípidos seleccionados del grupo de Δ4-desaturasa, Δ5-desaturasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ9-desaturasa, Δ12-desaturasa, Δ6-elongasa o Δ9-elongasa.

6. Vector que contiene un ácido nucleico según las reivindicaciones 1 o 2 o una construcción génica según las reivindicaciones 3 a 5.

7. Microorganismo transgénico o planta transgénica, que contienen al menos un ácido nucleico según la reivindicación 1, una construcción génica según las reivindicaciones 3 a 5 o un vector según la reivindicación 6.

8. Procedimiento para la preparación de compuestos de fórmula general I



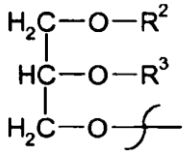
(I)

en organismos transgénicos no humanos con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos con respecto al contenido en lípidos total del organismo transgénico no humano, **caracterizado porque** comprende las siguientes etapas de procedimiento:

a) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ6-desaturasa e
b) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ6-elongasa e
c) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ5-desaturasa e
d) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ5-elongasa e
e) introducir en el organismo al menos un ácido nucleico con una secuencia que codifica una actividad Δ4-desaturasa, y

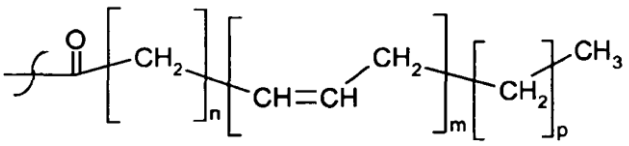
en donde las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el siguiente significado:

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



(II)

R^2 = hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquilcarbonilo C_2-C_{24} saturado o insaturado,
R^3 = hidrógeno, alquilcarbonilo C_2-C_{24} saturado o insaturado, o R^2 o R^3 independientemente entre sí un resto de fórmula general Ia:



(Ia)

n = 2, 3, 4, 5, 6, 7 o 9, m = 2, 3, 4, 5 o 6 y p = 0 o 3

en donde el ácido nucleico que codifica una Δ6-elongasa es un ácido nucleico con

a) la secuencia representada en la SEQ ID NO: 45,
b) un ácido nucleico que puede derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 46 o
c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en la SEQ ID NO: 45, que codifica polipéptidos con al menos el 40 % de identidad a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 46 y presenta una actividad Δ6-elongasa.

9. Procedimiento según la reivindicación 8, **caracterizado porque** los ácidos nucleicos con las secuencias que codifican polipéptidos con actividad Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa y opcionalmente ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con una actividad Δ9-elongasa o Δ8-desaturasa, se seleccionan del grupo que está constituido por:

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

ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184 y presentan una actividad Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa.

10. Procedimiento según las reivindicaciones 8 o 9, **caracterizado porque** se introduce adicionalmente en el organismo un ácido nucleico con una secuencia que codifica polipéptidos con actividad ω3-desaturasa, seleccionado del grupo que está constituido por:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en las SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105 o
b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en las SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 o
c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en las SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad a nivel de aminoácidos con las SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad ω3-desaturasa.

11. Procedimiento según las reivindicaciones 8 a 10, **caracterizado porque** se introduce adicionalmente en el organismo un ácido nucleico con una secuencia que codifica polipéptidos con actividad Δ12-desaturasa, seleccionado del grupo que está constituido por:

a) un ácido nucleico con la secuencia representada en las SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109 o
b) ácidos nucleicos que pueden derivarse como resultado del código genético degenerado de la secuencia de aminoácidos representada en las SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 o
c) derivados de la secuencia de ácido nucleico representada en las SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad a nivel de aminoácidos con las SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad Δ12-desaturasa.

12. Procedimiento según las reivindicaciones 8 a 11, **caracterizado porque** el organismo transgénico no humano es un microorganismo transgénico o una planta transgénica.

13. Procedimiento según las reivindicaciones 8 a 12, **caracterizado porque** los compuestos de fórmula general I se aíslan del organismo en forma de sus aceites, lípidos o ácidos grasos libres.

Figura 1: distintas vías de síntesis para la biosíntesis de DHA (ácido docosahexaenoico)

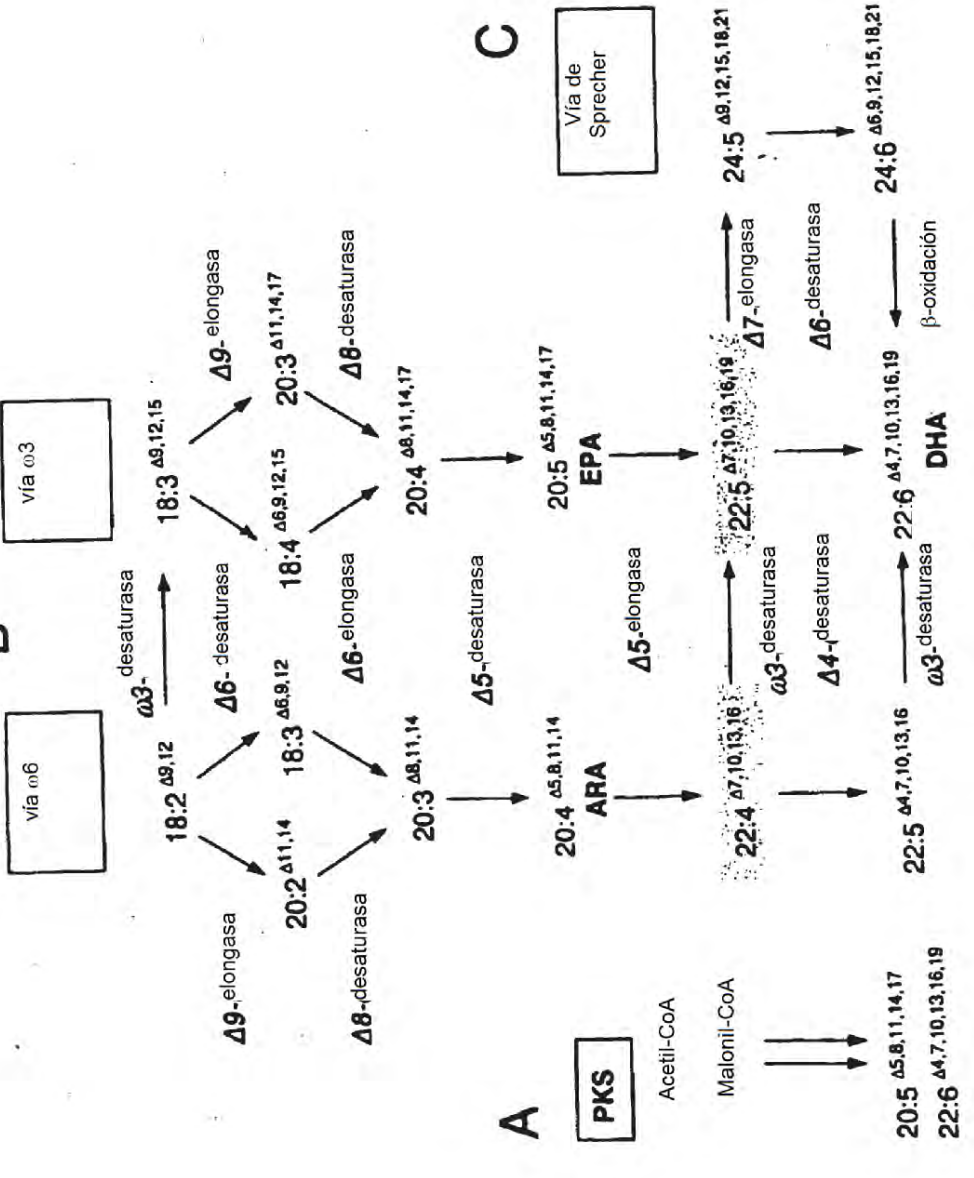


Figura 2: especificidad de sustrato de la Δ-5-elongasa (SEQ ID NO: 53) frente a distintos ácidos grasos

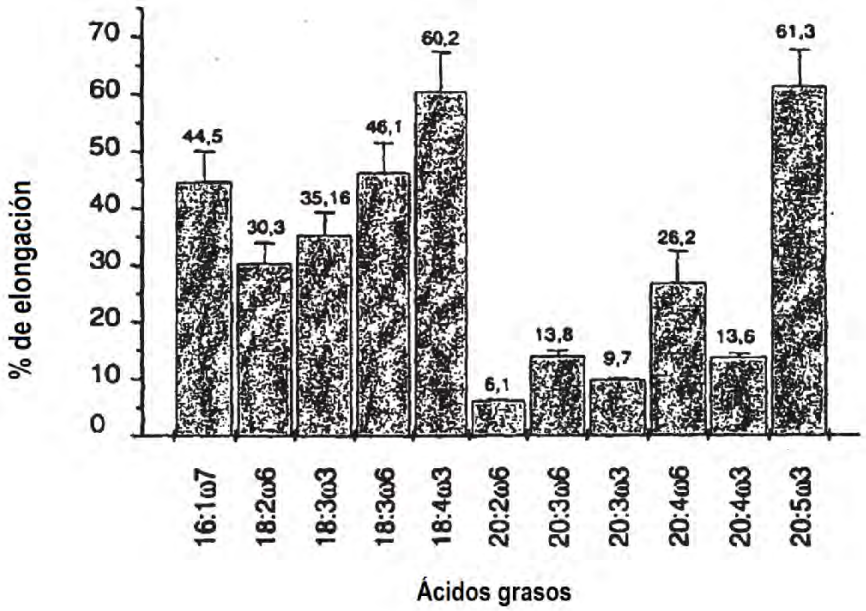


Figura 3: reconstitución de la biosíntesis de DHA en levadura partiendo de 20:5ω3.

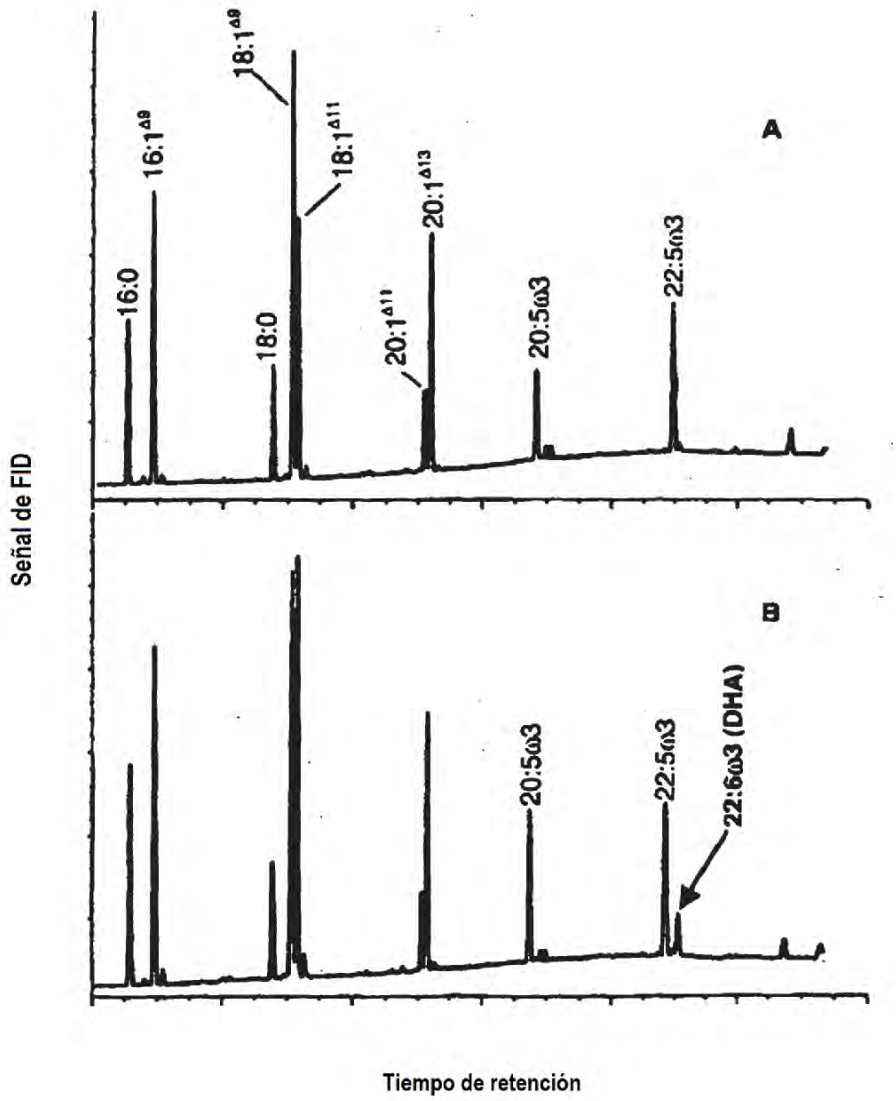


Figura 4: reconstitución de la biosíntesis de DHA en levadura partiendo de 18:4ω3.

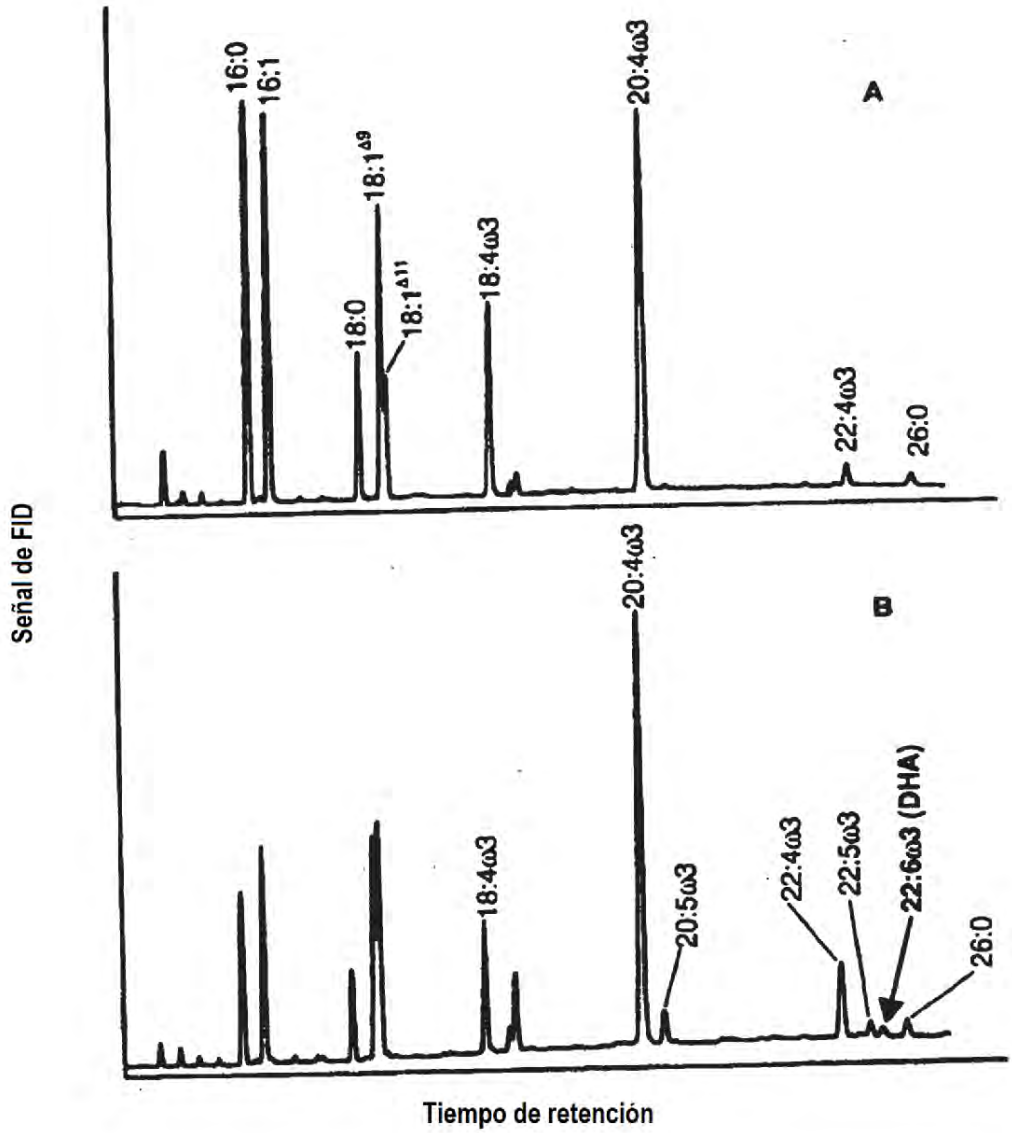


Figura 5: composición de ácidos grasos (en % en mol) de levaduras transgénicas que se habían transformado con los vectores pYes3-OmELO3/pYes2-EgD4 o pYes3-OmELO3/pYes2-EgD4+pESCLeu-PtD5. Las células de levadura se cultivaron en medio mínimo sin triptófano ni uracilo/ ni leucina en presencia de $20:5^{\Delta5,8,11,14,17}$ o $18:4^{\Delta6,9,12,15}$ 250 µM. Los ésteres metílicos de ácido graso se obtuvieron mediante metanólisis ácida a partir de sedimentos celulares y se analizaron por medio de CGL. Cada valor reproduce el valor medio (n=4) ± desviación estándar.

	pYes3-OmELO/pYes2-EgD4	pYes3-OmELO/pYes2-EgD4 EgD4 + pESCLeu-PtD5
Ácidos grasos	Alimentación con $20:5^{\Delta5,8,11,14,17}$	Alimentación con $18:4^{\Delta6,9,12,15}$
16:0	9,35 ± 1,61	7,35 ± 1,37
$16:1^{\Delta9}$	14,70 ± 2,72	10,02 ± 1,81
18:0	5,11 ± 1,09	4,27 ± 1,21
$18:1^{\Delta9}$	19,49 ± 3,01	10,81 ± 1,95
$18:1^{\Delta11}$	18,93 ± 2,71	11,61 ± 1,48
$18:4^{\Delta6,9,12,15}$	-	7,79 ± 1,29
$20:1^{\Delta11}$	3,24 ± 0,41	1,56 ± 0,23
$20:1^{\Delta13}$	11,13± 2,07	4,40 ± 0,78
$20:4^{\Delta8,11,14,17}$	-	30,05 ± 3,16
$20:5^{\Delta5,8,11,14,17}$	6,91± 1,10	3,72 ± 0,59
$22:4^{\Delta10,13,16,17}$	-	5,71 ± 1,30
$22:5^{\Delta7,10,13,16,19}$	8,77 ± 1,32	1,10 ± 0,27
$22:6^{\Delta4,7,10,13,16,19}$	2,73 ± 0,39	0,58 ± 0,10

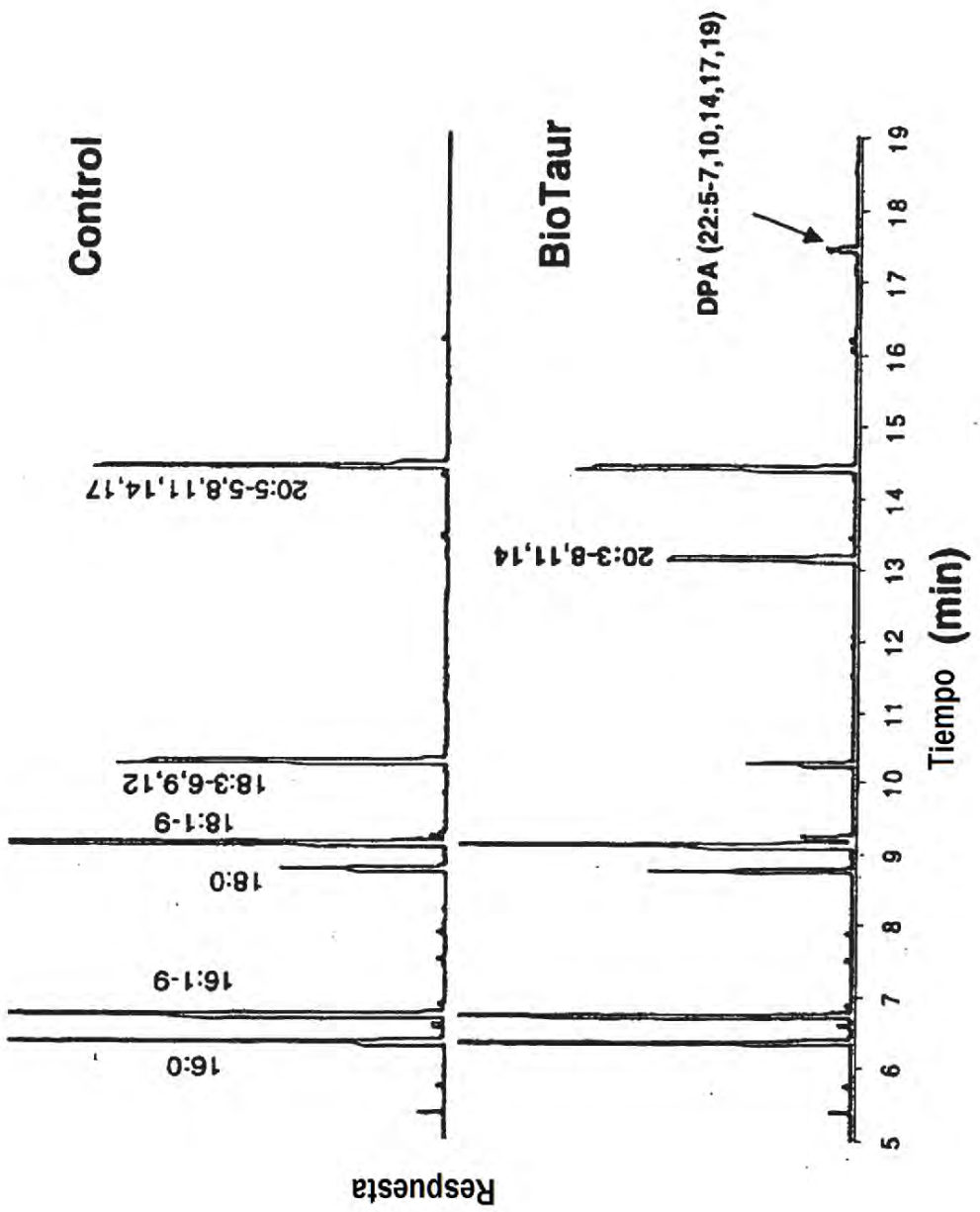


Figura 6: experimento de alimentación para la determinación de la funcionalidad y especificidad de sustrato con cepas de levadura

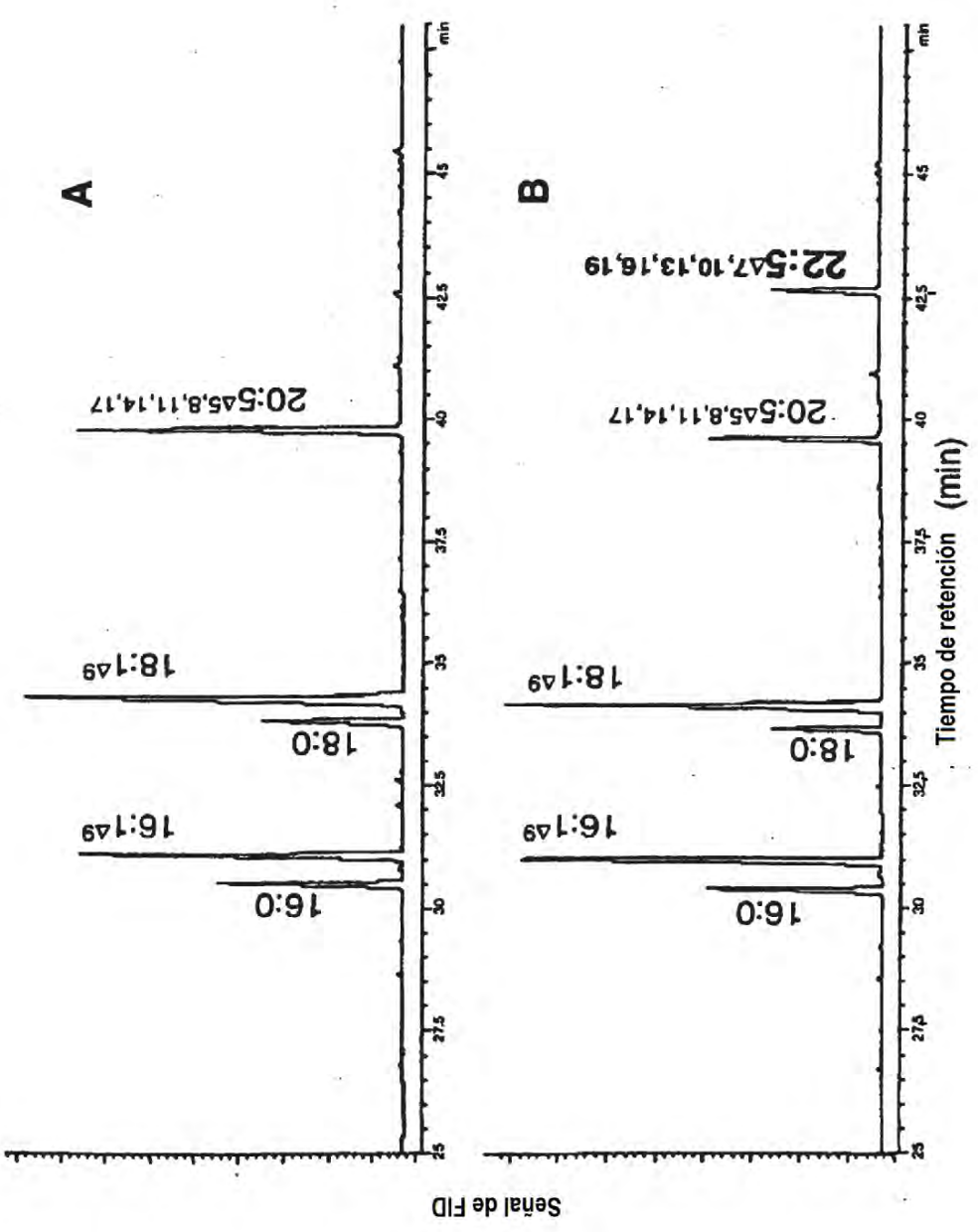


Figura 7: elongación de ácido eicosapentaenoico mediante OtElo1

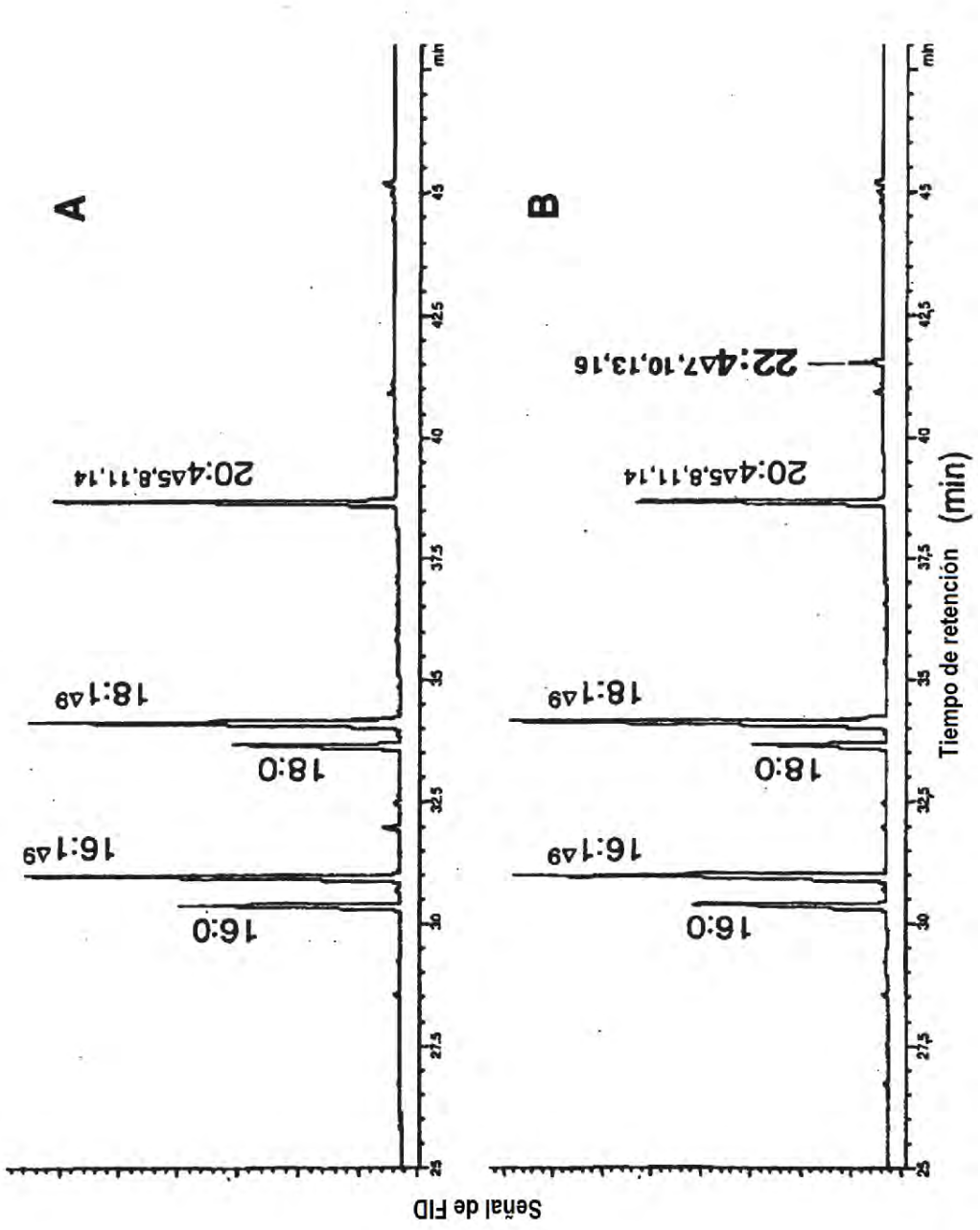


Figura 8: elongación de ácido araquidónico mediante OtElo1

Figura 9: expresión de TpELO1 en levadura

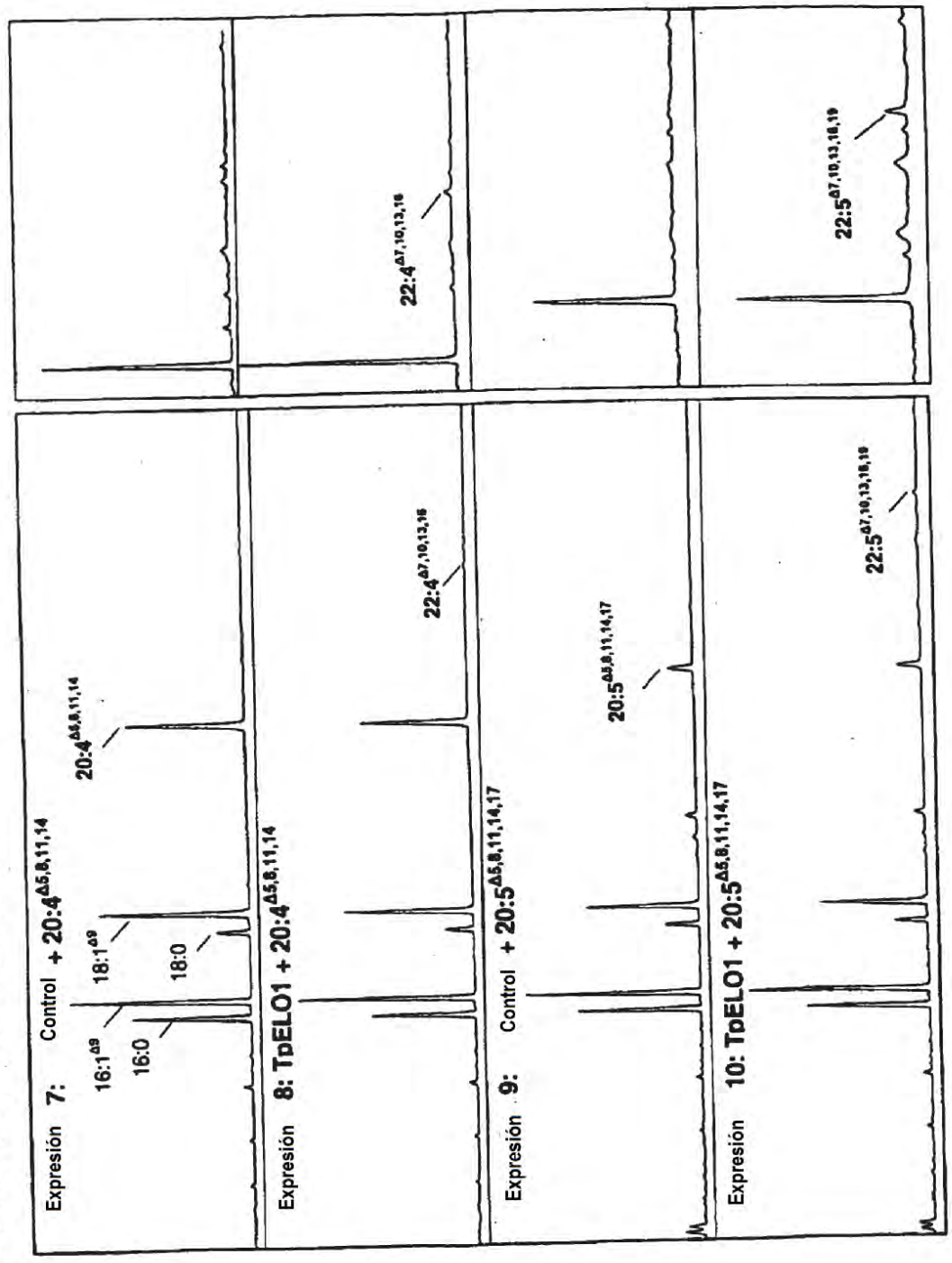
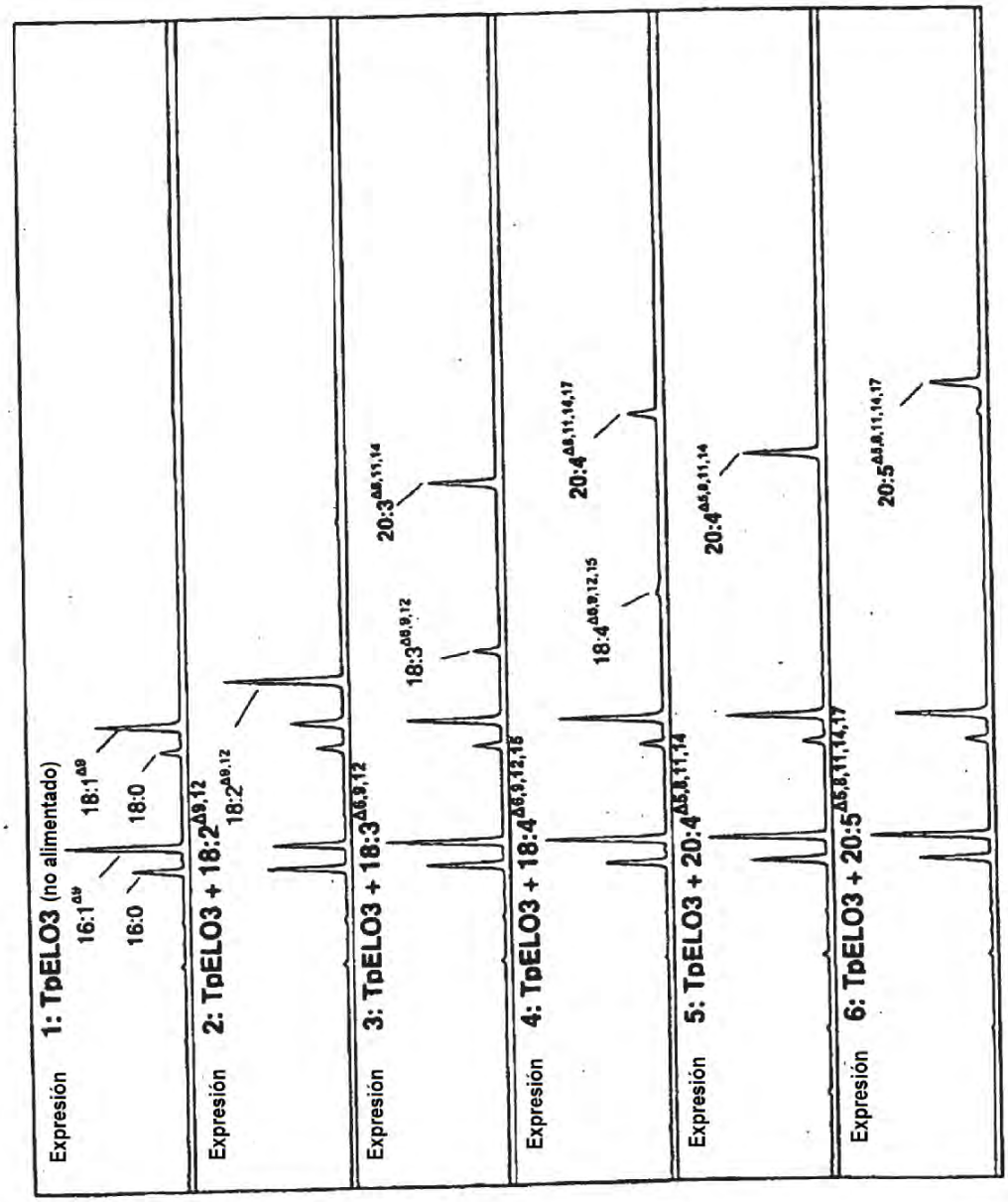


Figura 10: expresión de TpELO3 en levadura.



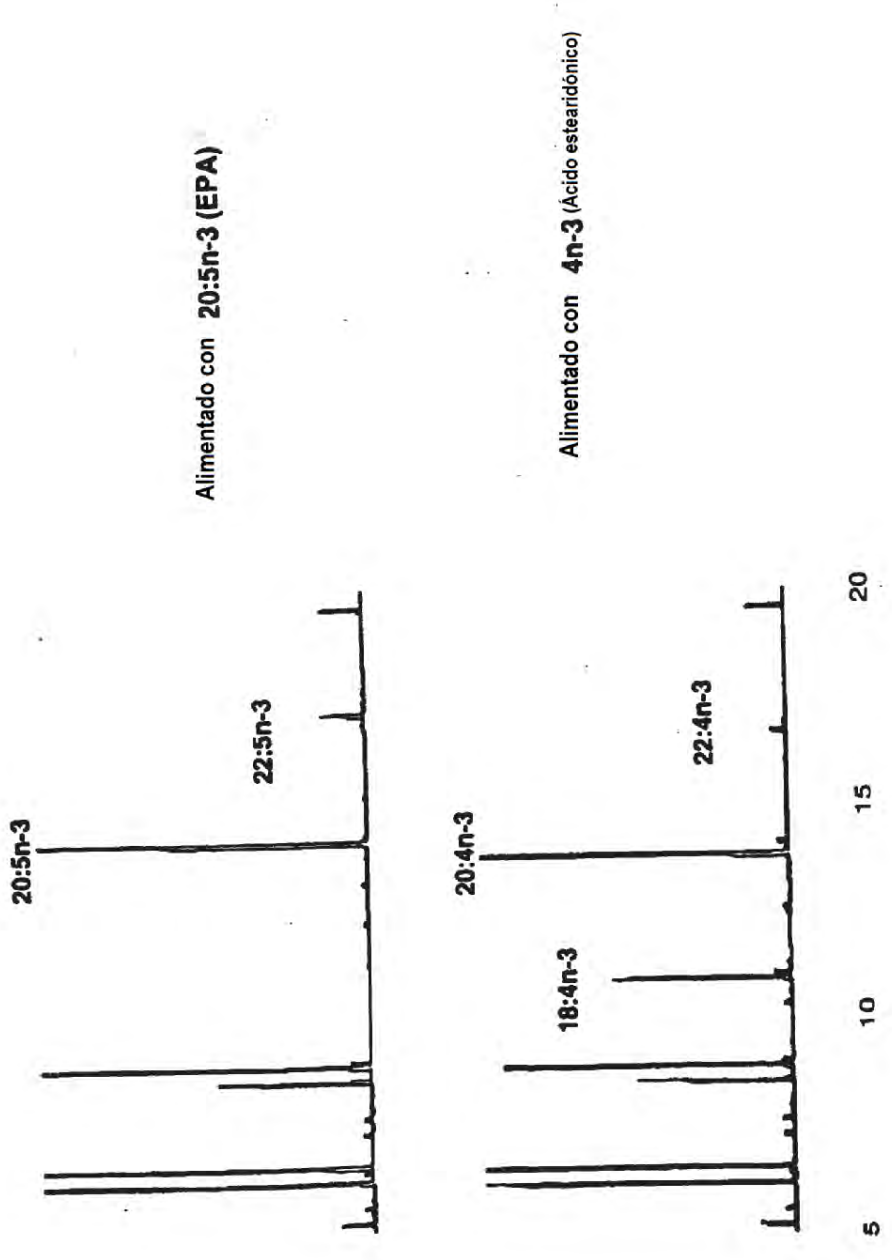


Figura 11: expresión de TL16/pYES2.1 de Δ5-elongasa de *Thraustochytrium* en levadura

Figura 12: desaturación de ácido linoleico (ácido graso 18:2 ω6) para dar ácido α-linolénico (ácido graso 18:3 ω3) mediante Pi-omega3Des.

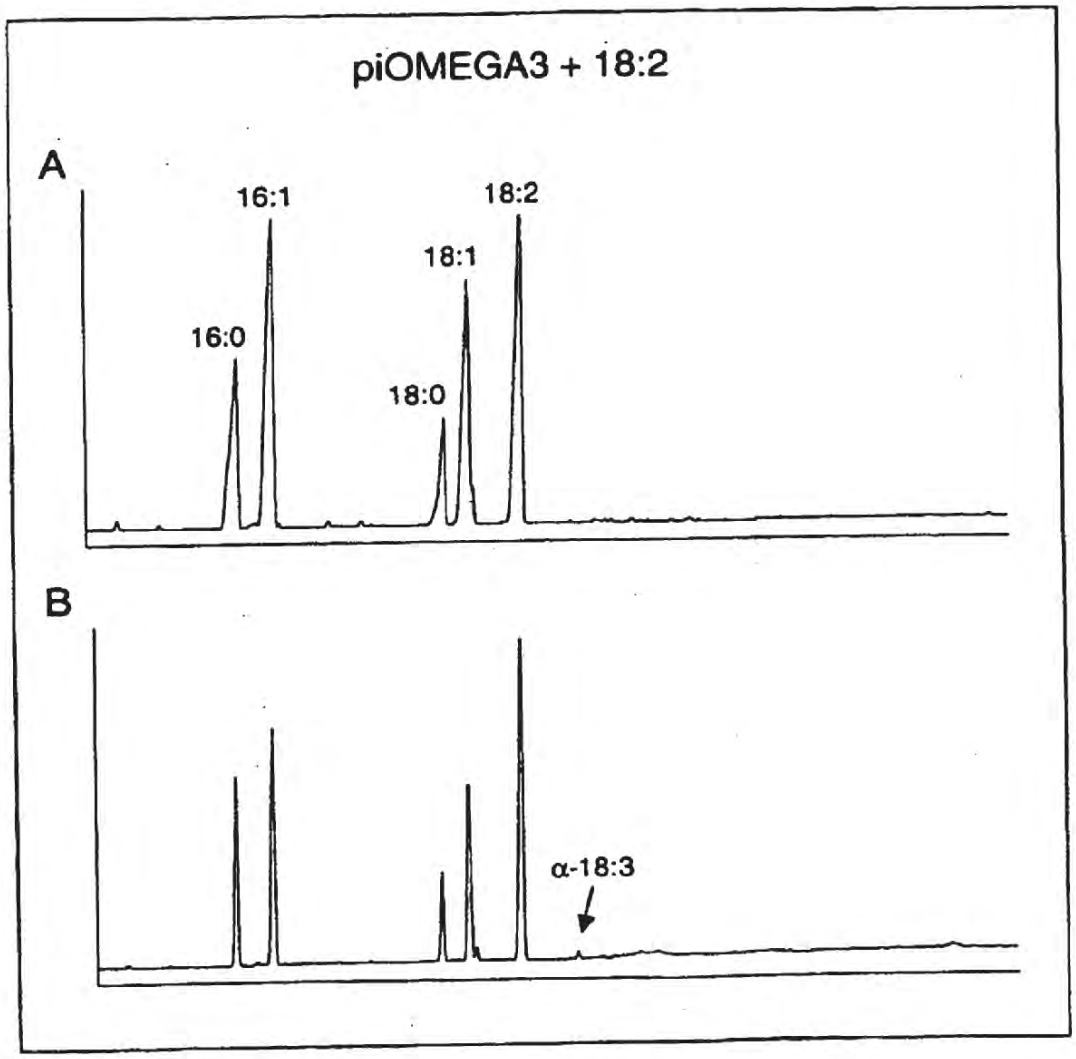


Figura 13: desaturación de ácido γ-linolénico (ácido graso 18:3 ω6) para dar ácido estearidónico (ácido graso 18:4 ω3) mediante Pi-omega3Des.

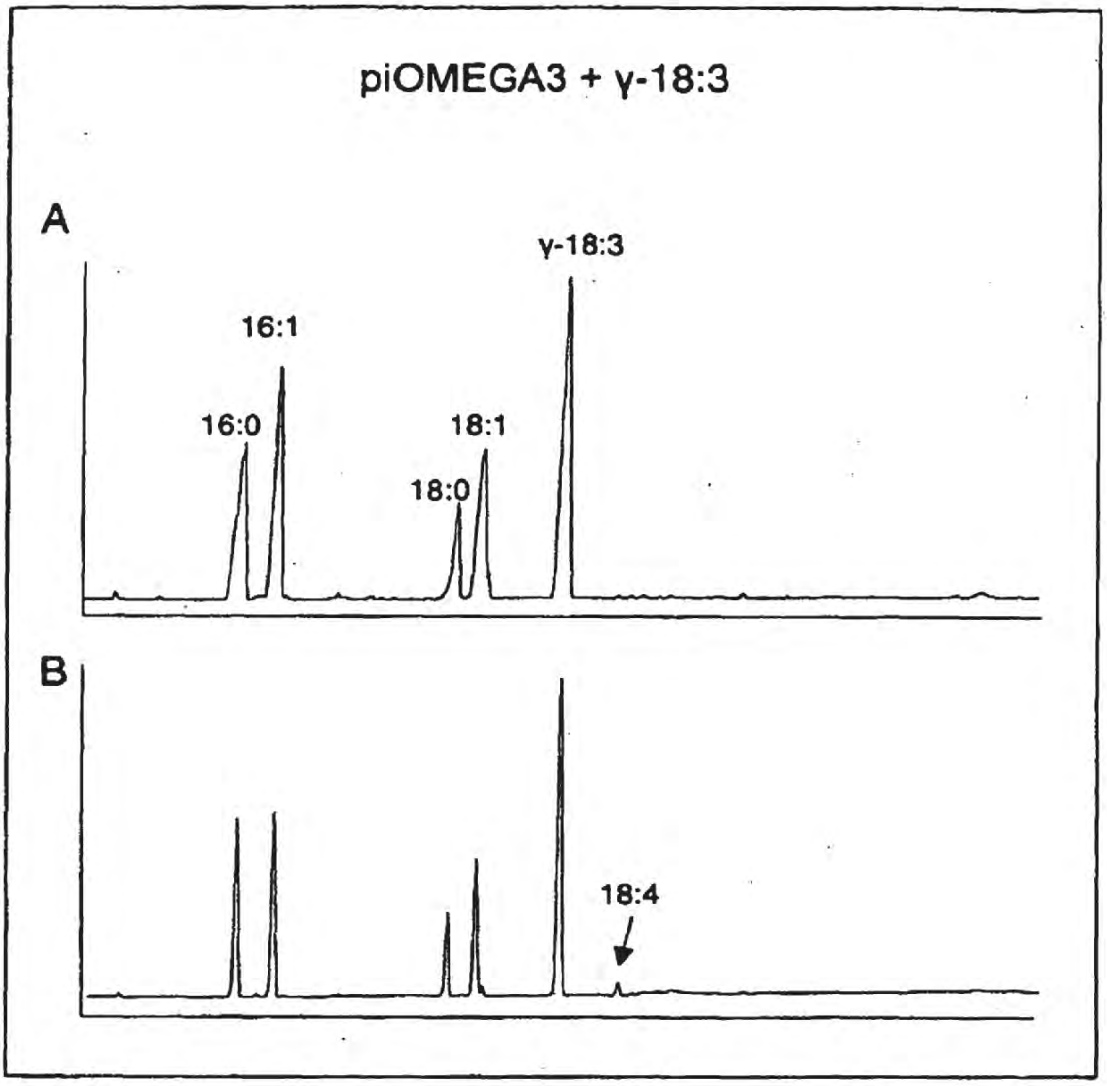


Figura 14: desaturación de ácido graso C20:2 ω6 para dar ácido graso C20:3 ω3 mediante Pi-omega3Des.

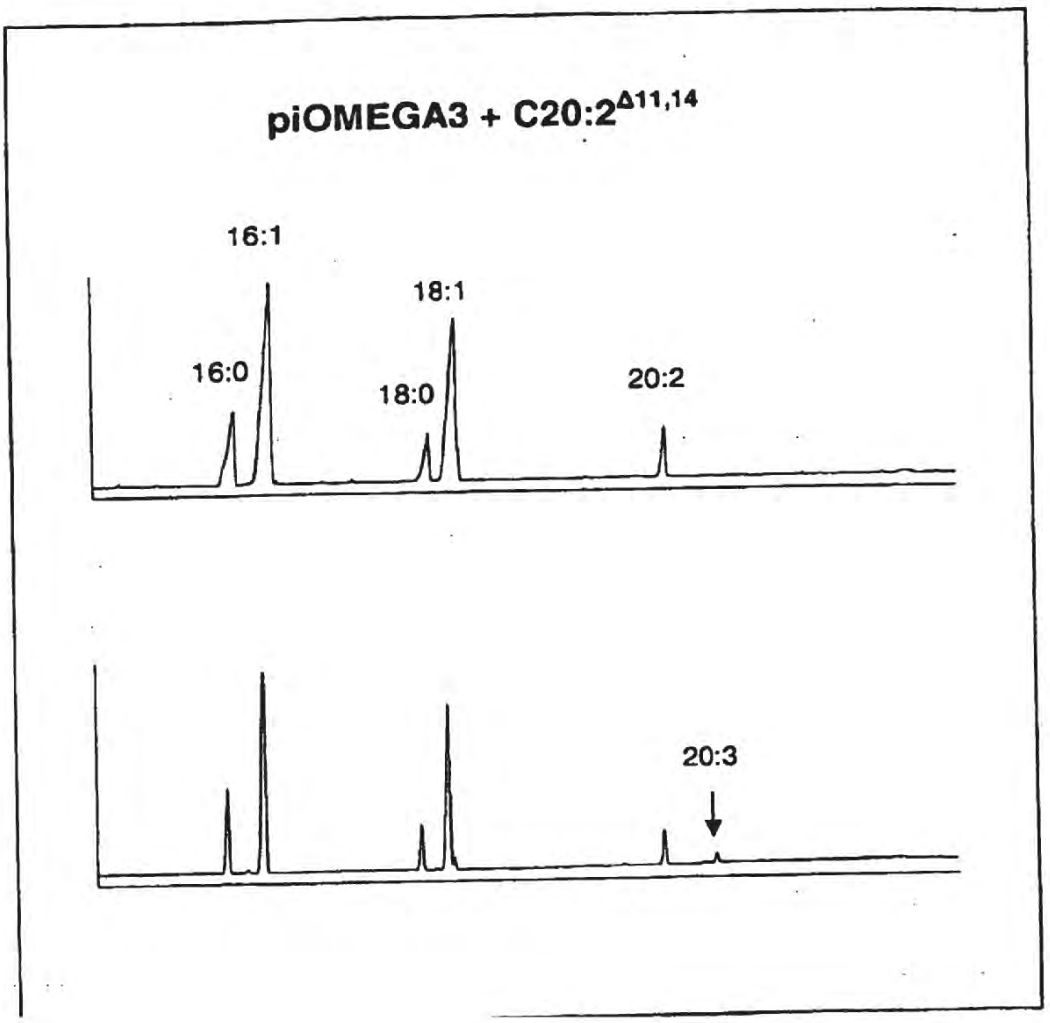


Figura 15: desaturación de ácido graso C20:3-ω6 para dar ácido graso C20:4-ω3 mediante Pi-omega3Des.

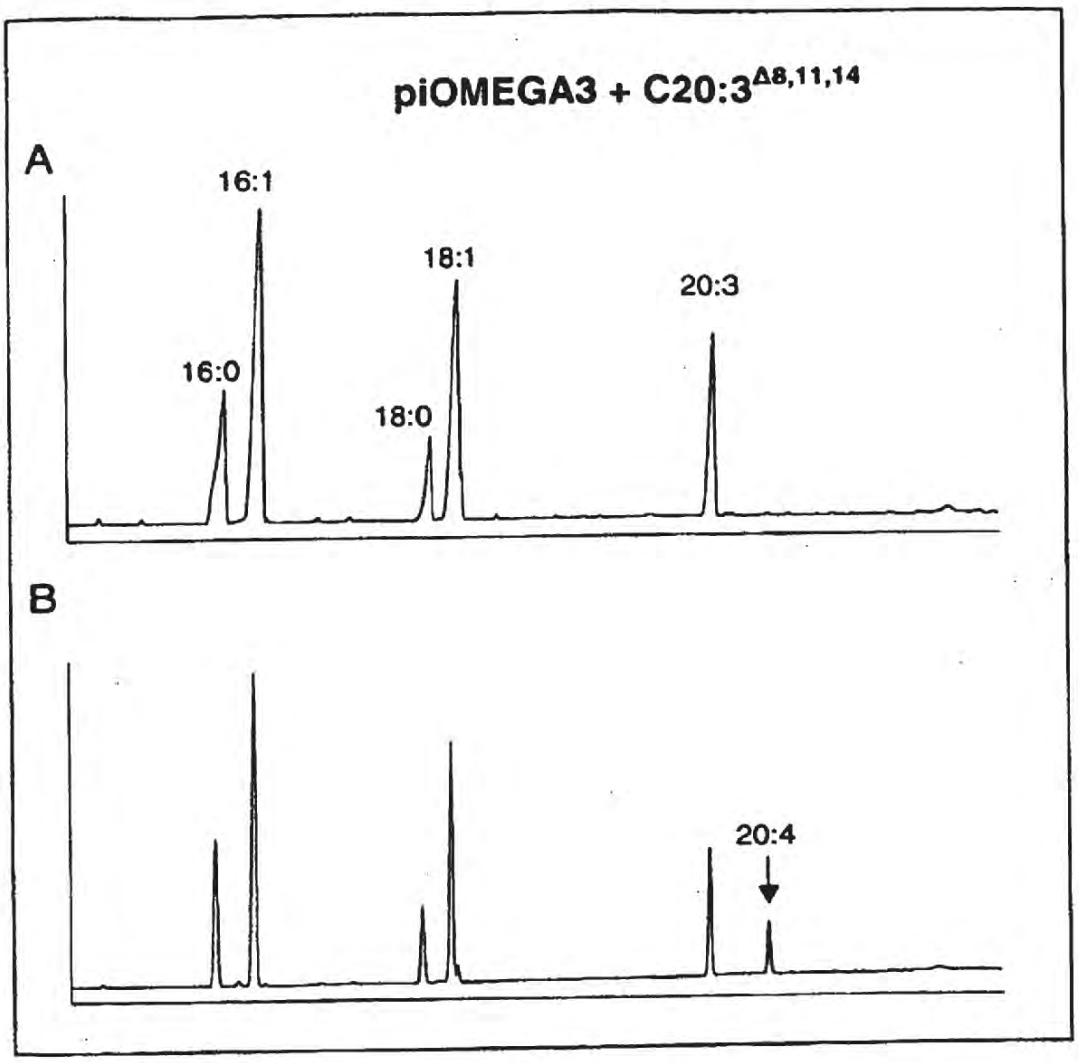


Figura 16: desaturación de ácido araquidónico (ácido graso C20:4-ω6) para dar ácido eicosapentaenoico (ácido graso C20:5-ω3) mediante Pi-omega3Des.

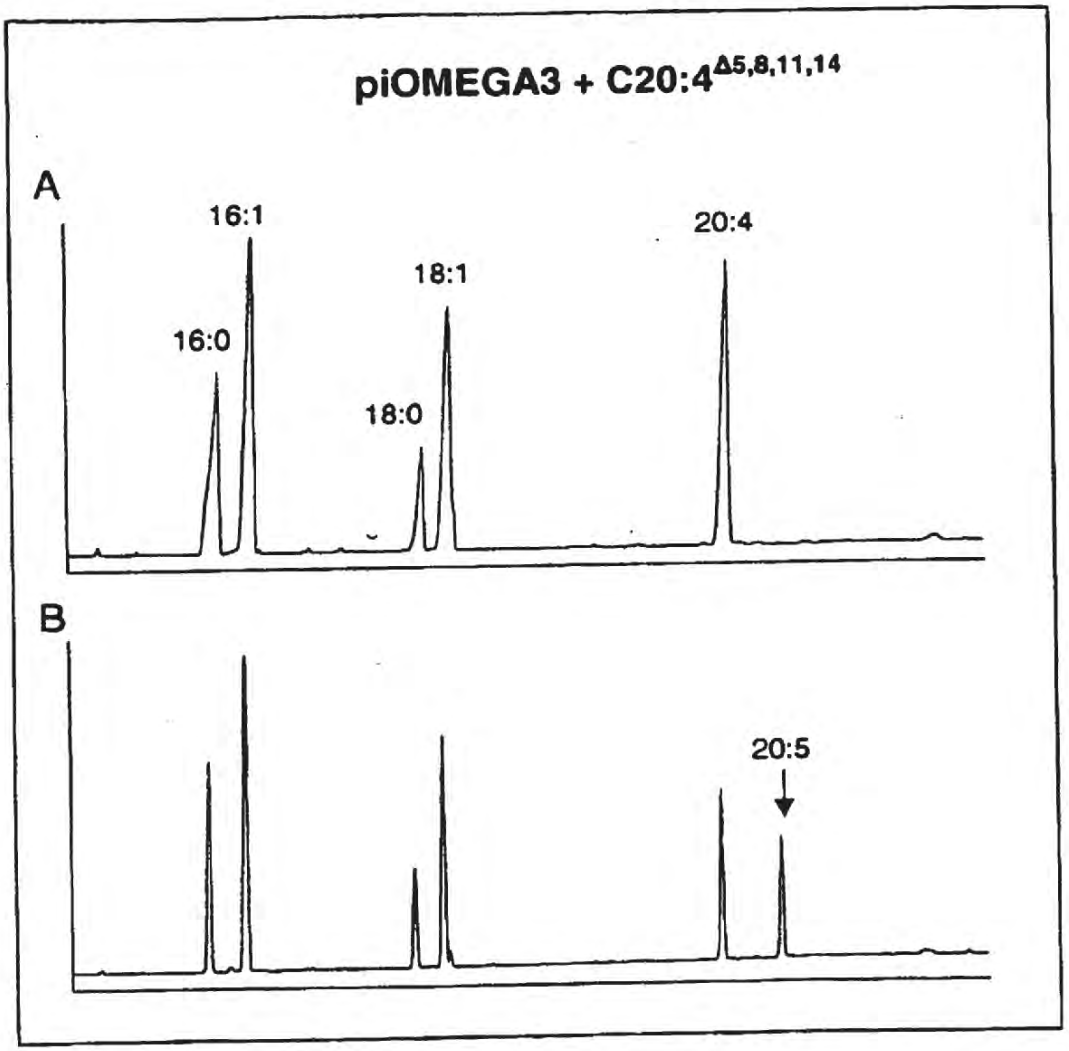
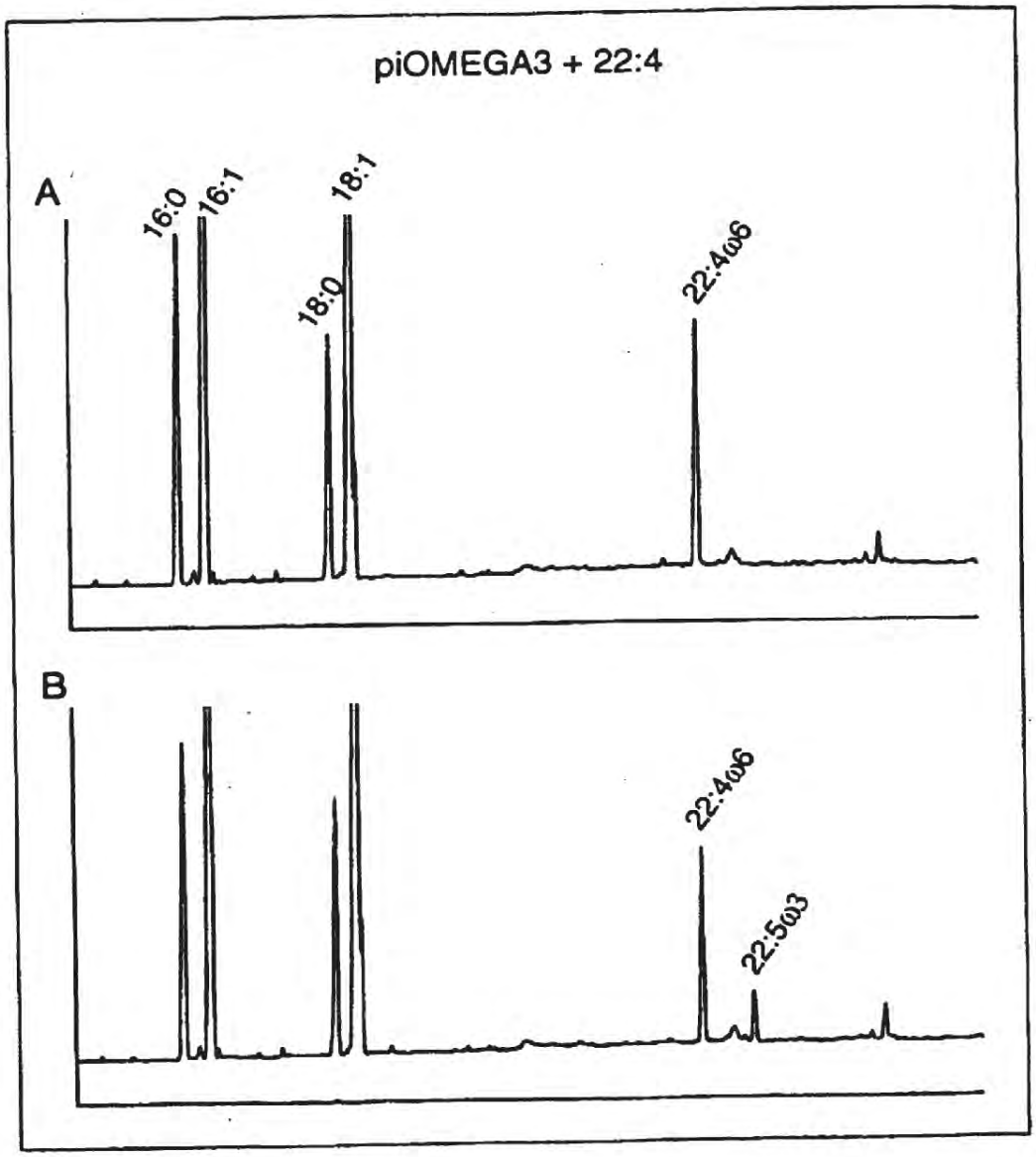


Figura 17: desaturación de ácido docosatetraenoico (ácido graso C22:4-ω6) para dar ácido docosapentaenoico (ácido graso C22:5-ω3) mediante Pi-omega3Des.



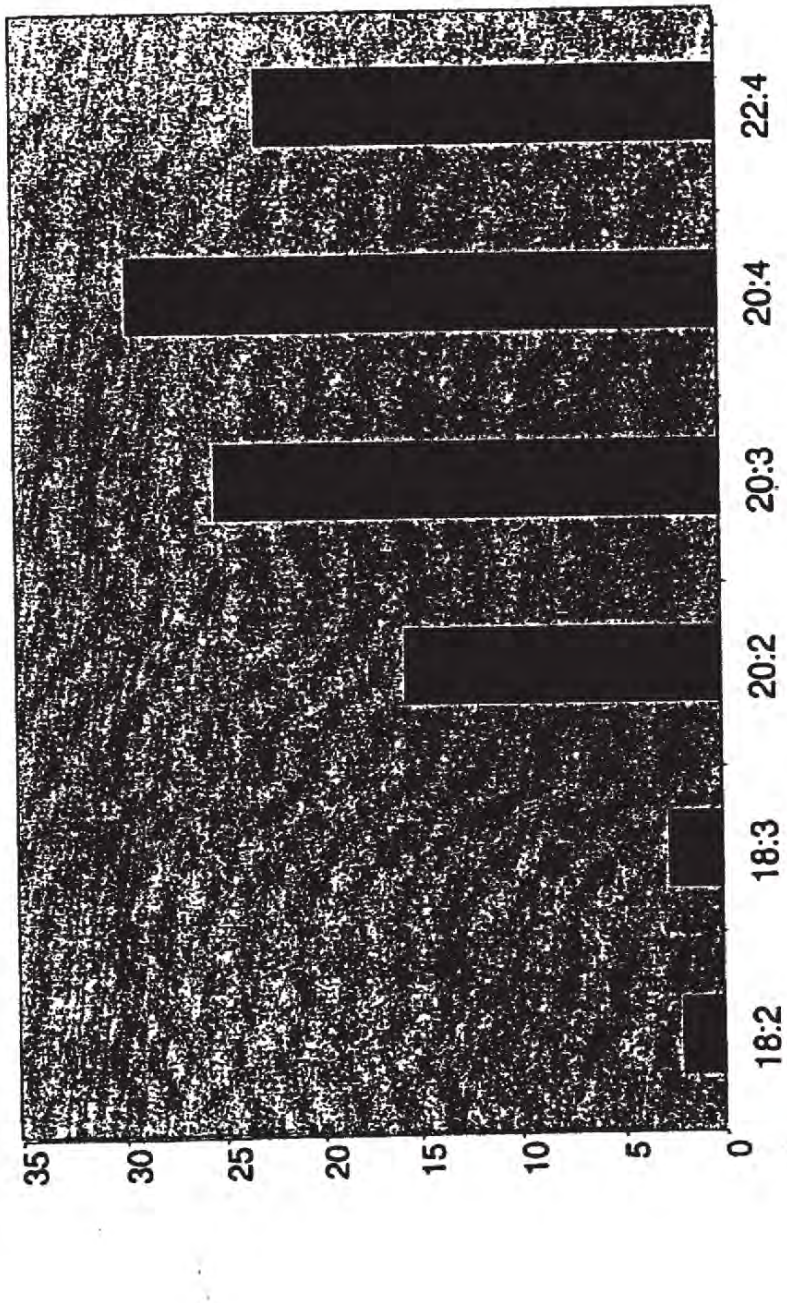


Figura 18: especificidad de sustrato de Pi-omega3Des frente a distintos ácidos grasos

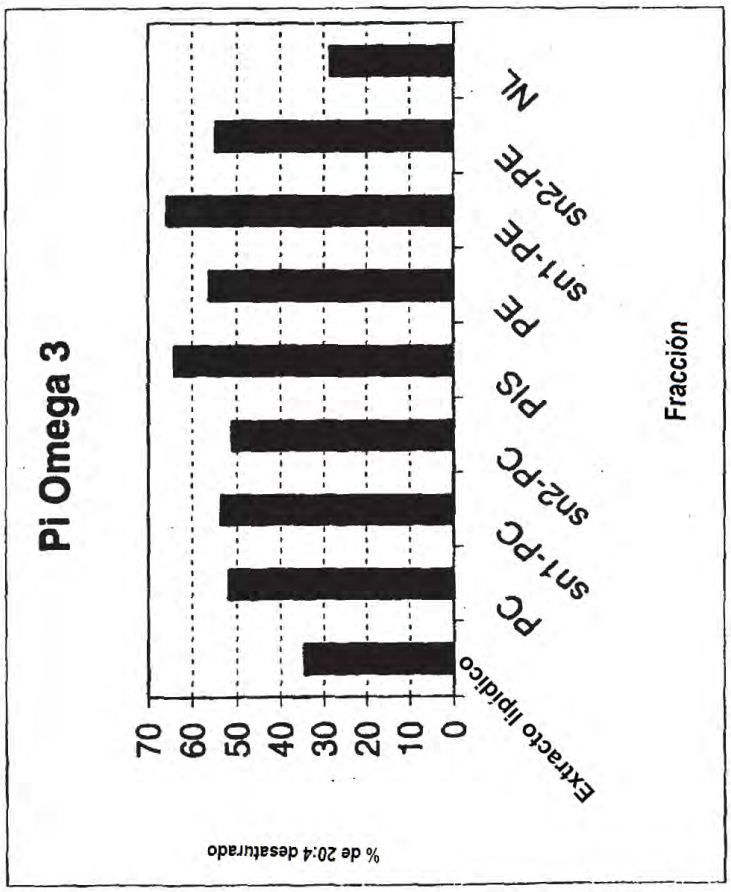


Figura 19: desaturación de ácido araquidónico unido a fosfolípido para dar EPA mediante Pi-omega3Des

Figura 20: conversión de ácido linoleico (flecha) en ácido γ-linolénico (γ-18:3) mediante Ot-Des6.1

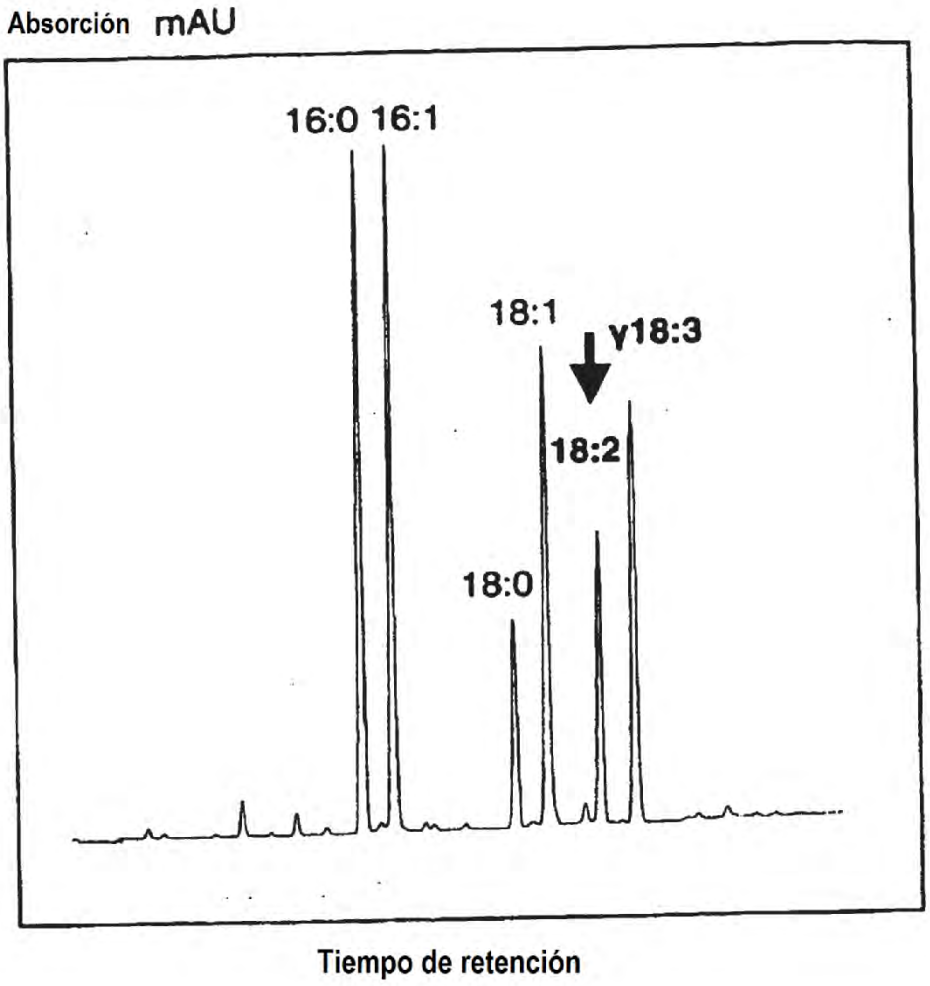


Figura 21: conversión de ácido linoleico y ácido α-linolénico (A y D), así como reconstitución de la vía de síntesis de ARA o EPA en levadura (B y D) en presencia de OtD6.1.

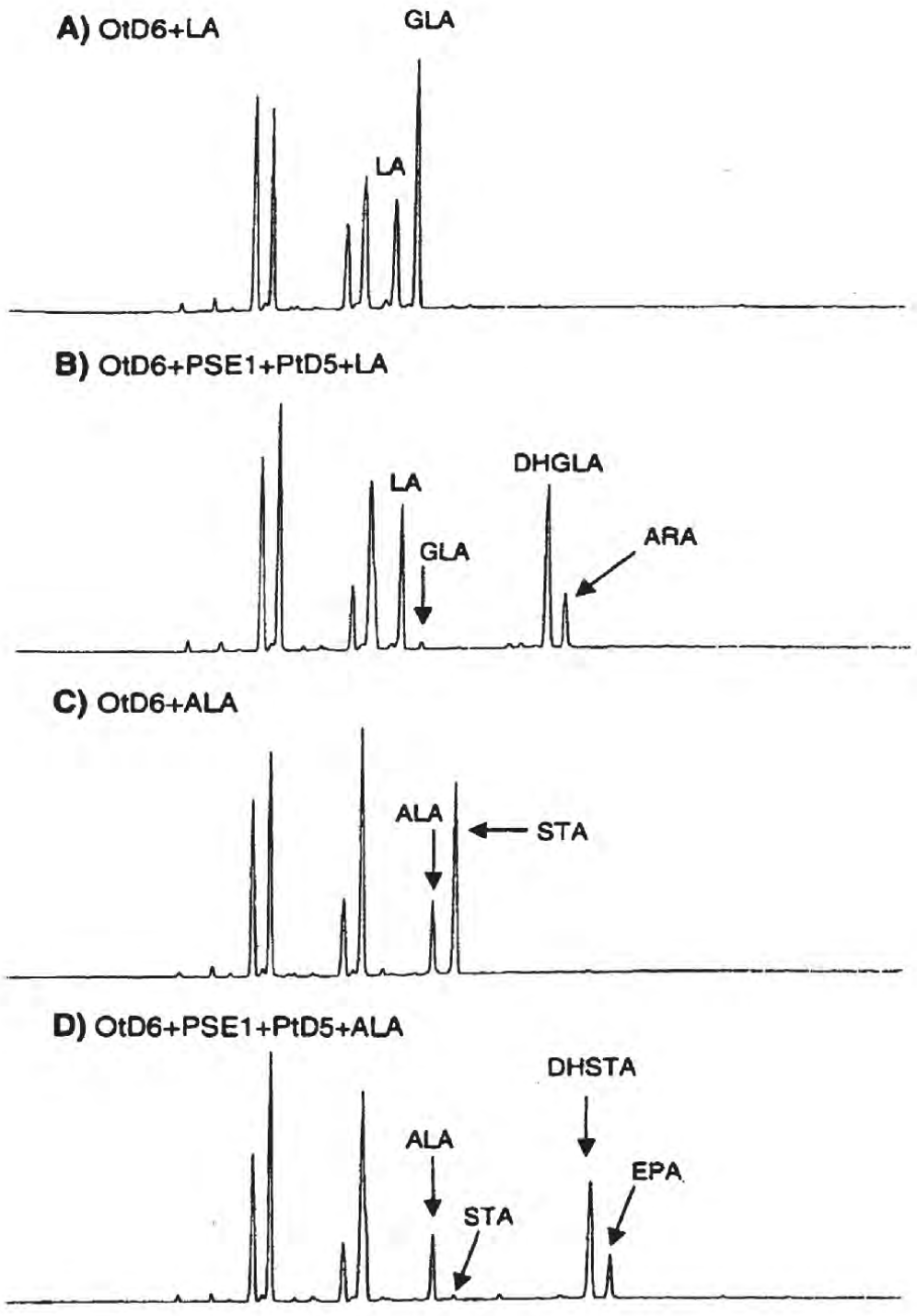


Figura 22: expresión de ELO(XI) en levadura.

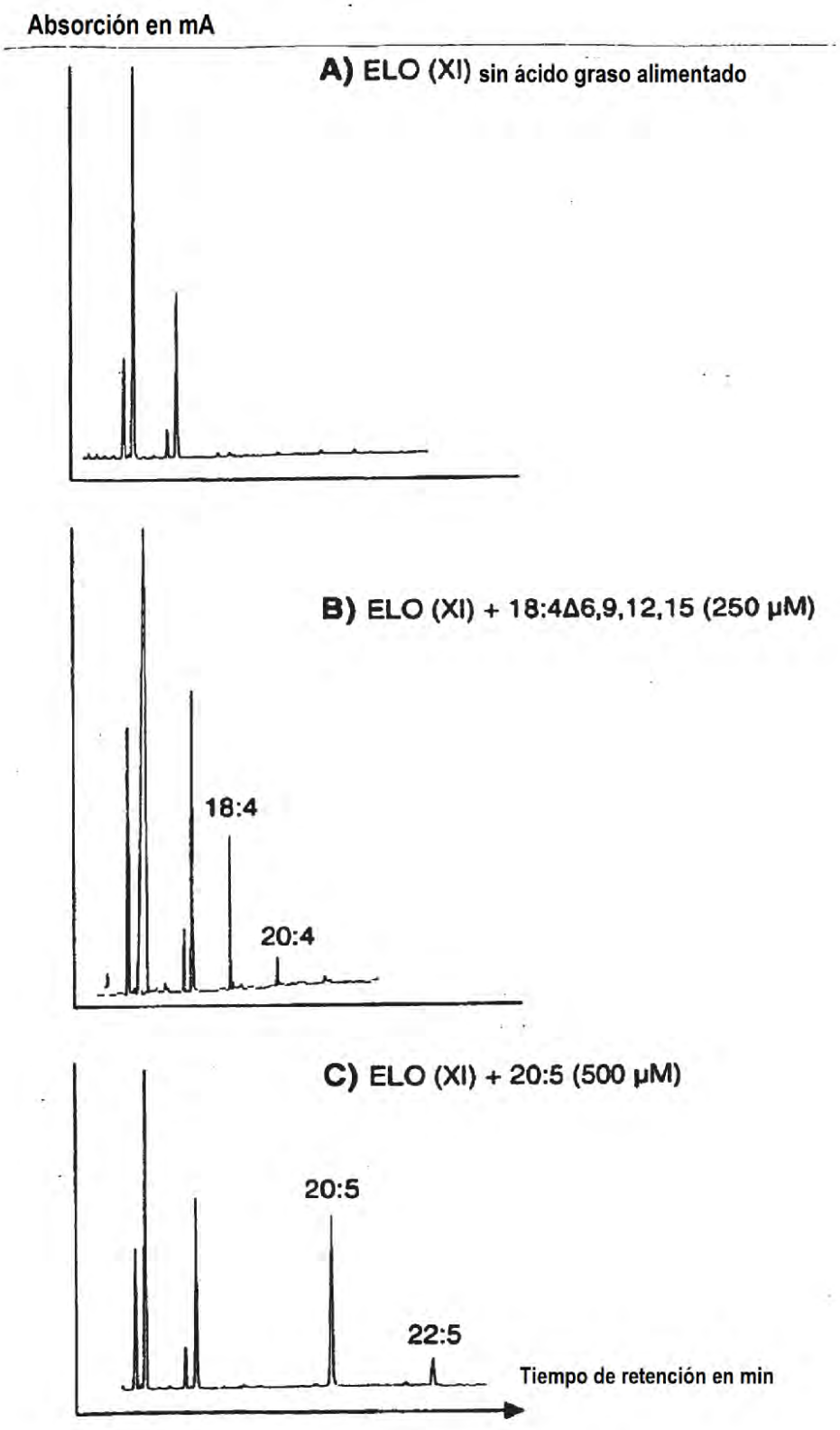


Figura 23:

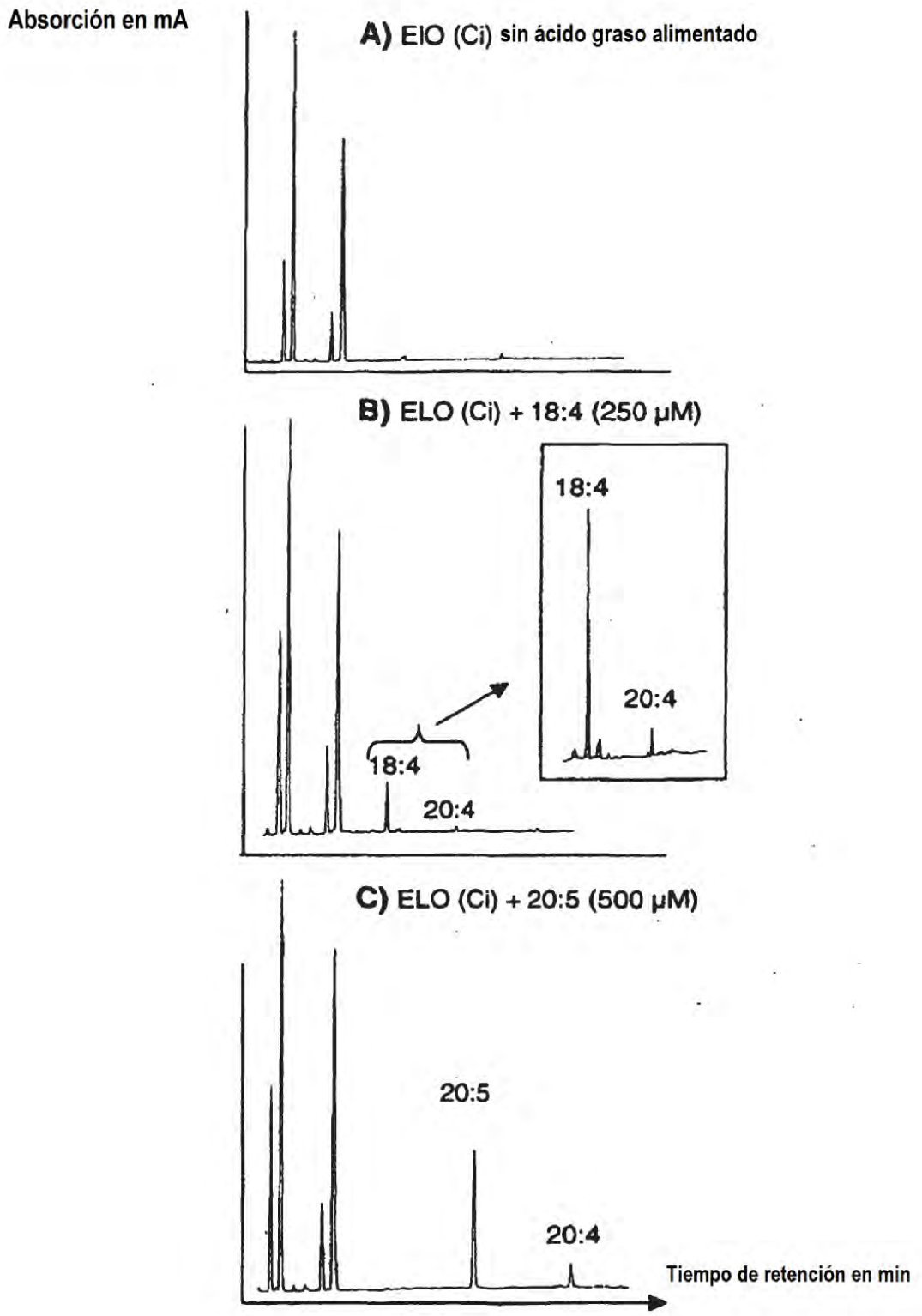

Absorción en mA
A) EIO (Ci) sin ácido graso alimentado
B) ELO (Ci) + 18:4 (250 µM)
18:4
20:4
18:4
20:4
C) ELO (Ci) + 20:5 (500 µM)
20:5
20:4
Tiempo de retención en min

Figura 24: elongación de ácido eicosapentaenoico mediante OtElo1 (B) o OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto de la elongación (22:5ω3).

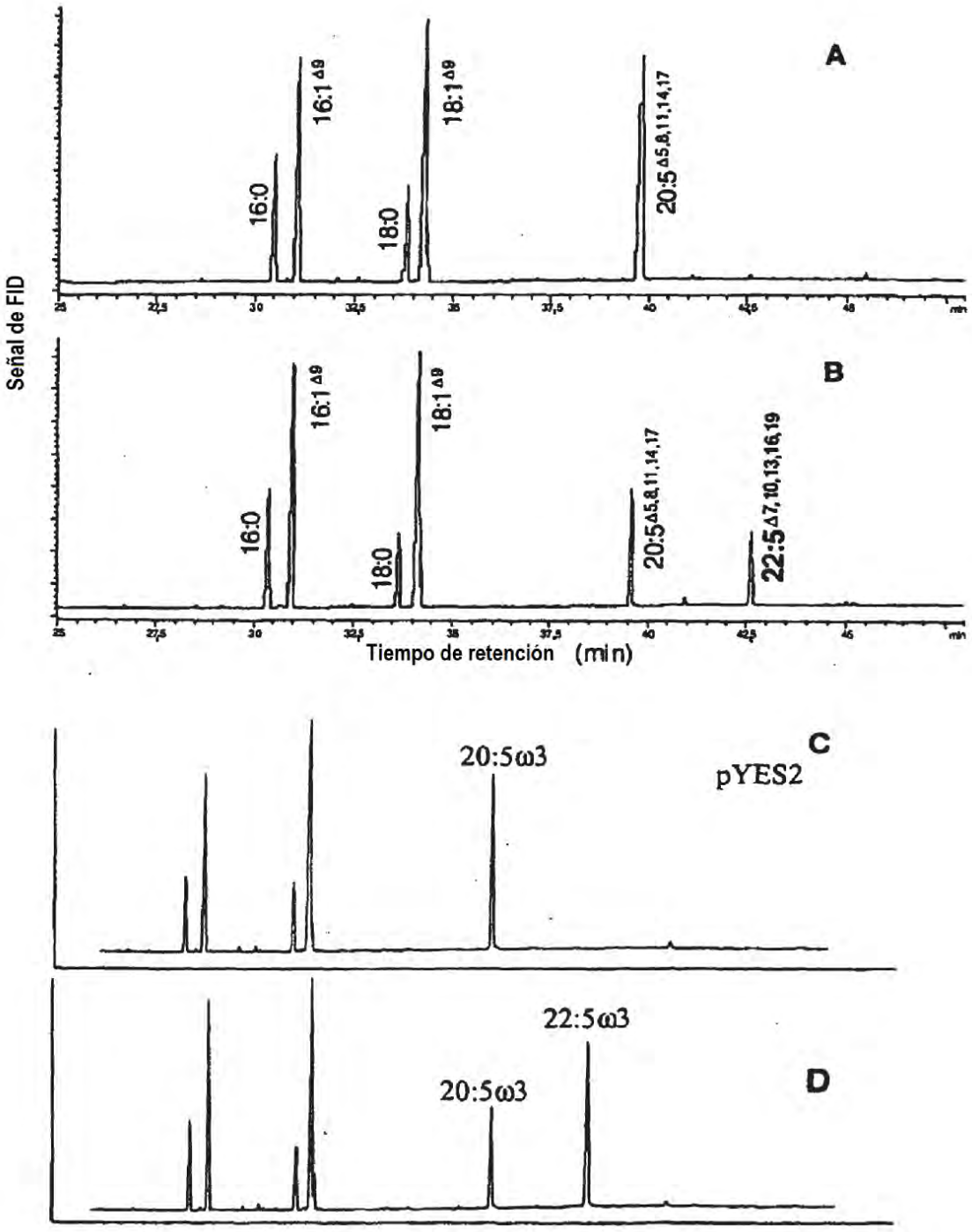


Figura 25: elongación de ácido araquidónico mediante OtElo1 (B) o OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto de la elongación (22:4ω6).

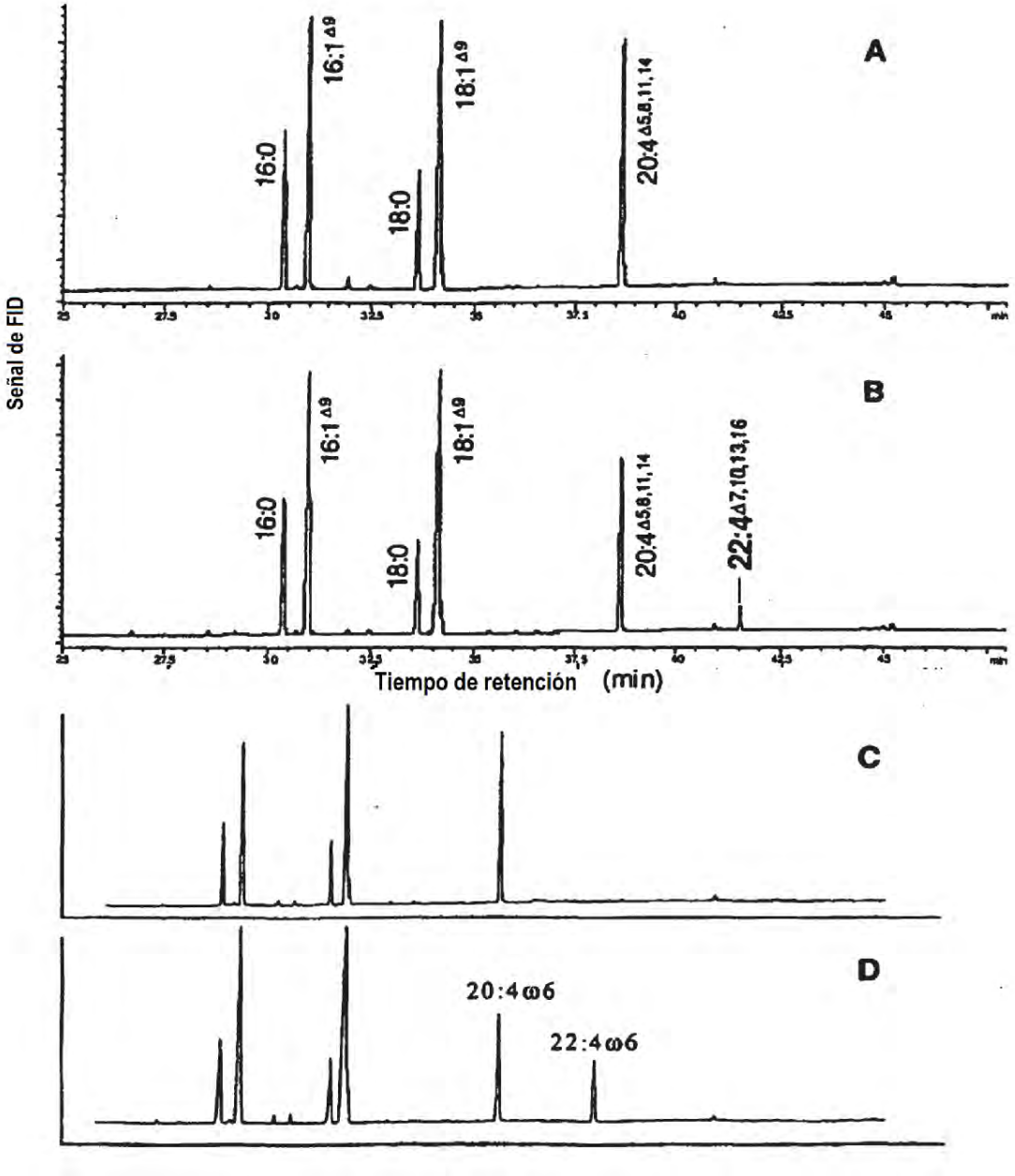


Figura 26: elongación de 20:5n-3 mediante las elongasas At3g06470.

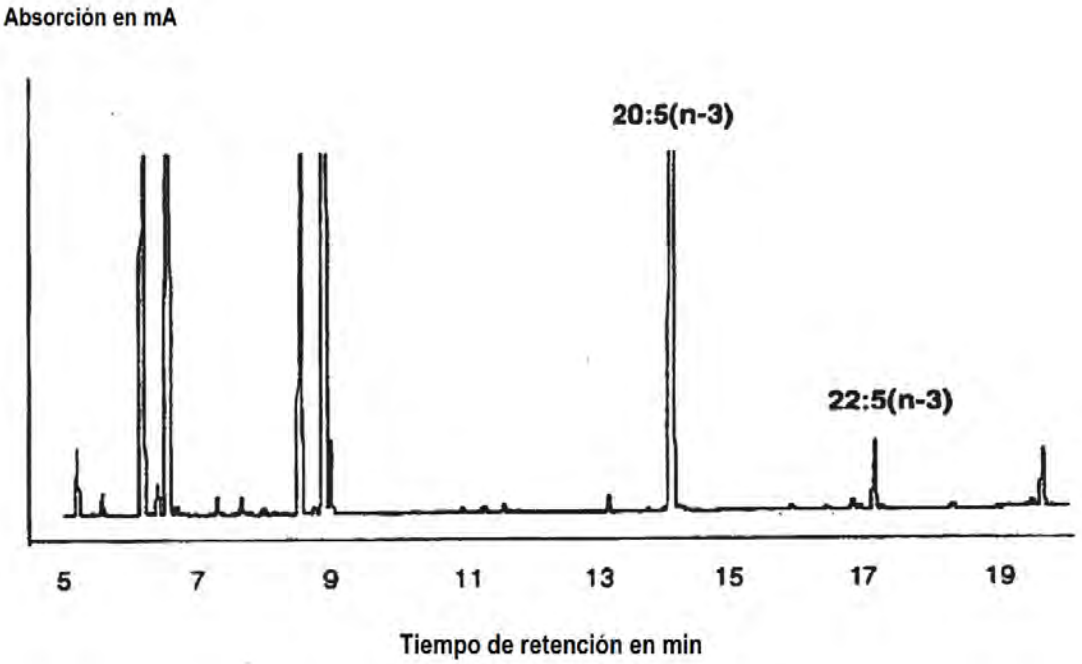


Figura 27: especificidad de sustrato de la elongasa de *Xenopus* (A), elongasa de *Ciona* (B) y elongasa de *Oncorhynchus* (C)

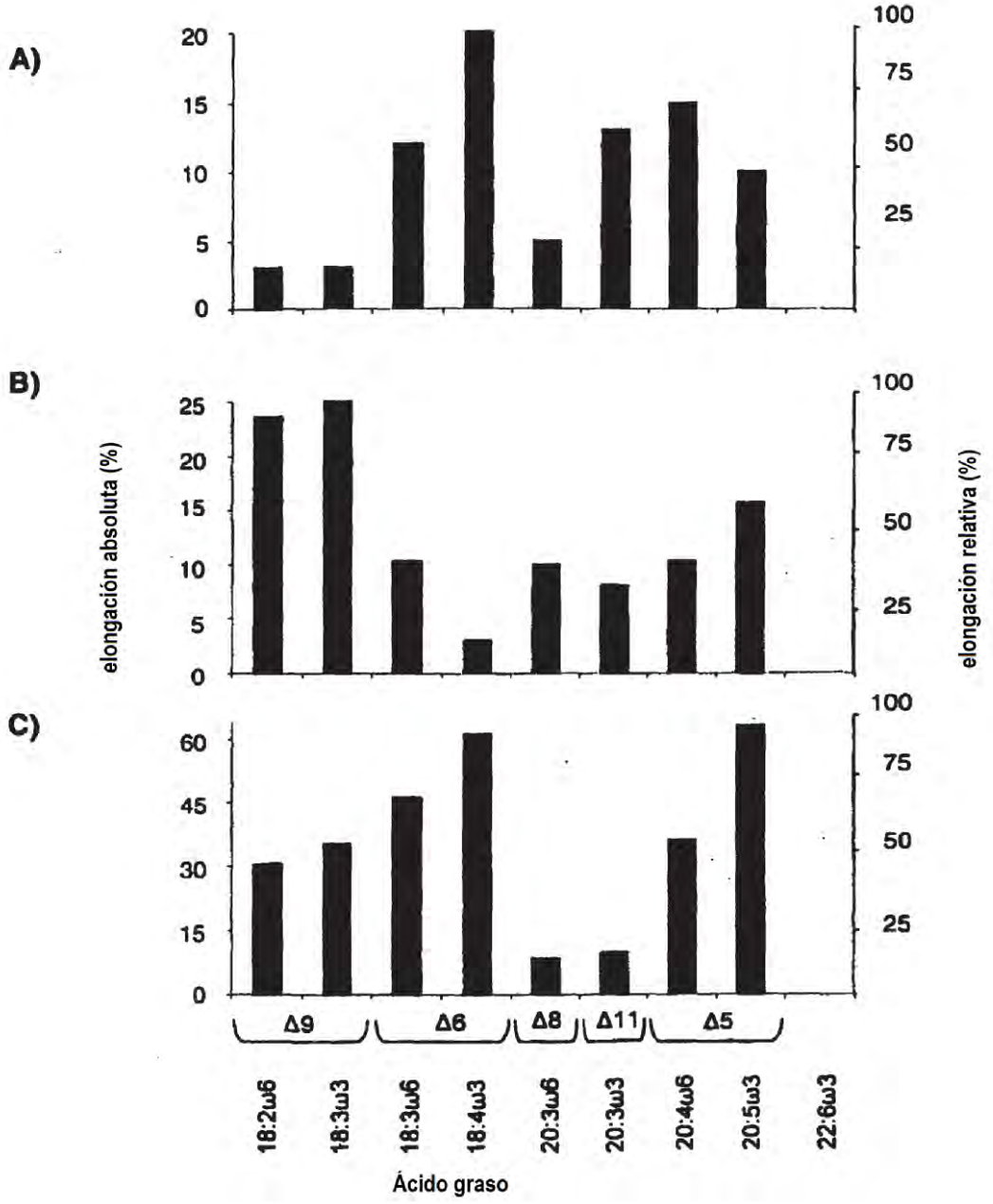


Figura 28: especificidad de sustrato de la Δ-5-elongasa de *Ostreococcus* (A), de la Δ-6-elongasa de *Ostreococcus* (B), de la Δ-5-elongasa de *Thalassiosira* (C) y Δ-6-elongasa de *Thalassiosira* y *Ostreococcus* (D)

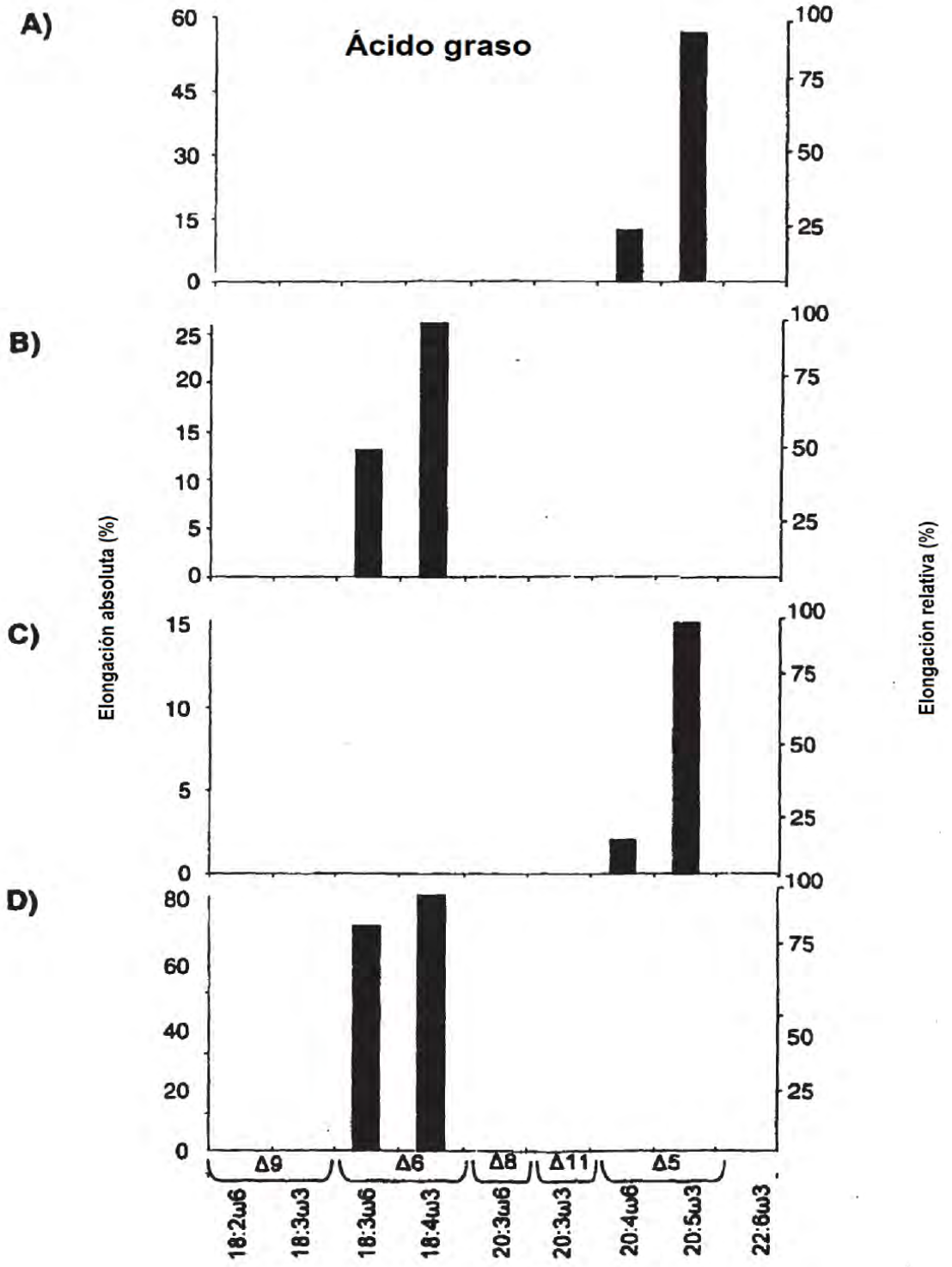


Figura 29: expresión de la Δ-6-elongasa de *Phaeodactylum tricornutum* (PtELO6) en levadura. A) muestra la elongación del ácido graso C18:3$^{\Delta 6,9,12}$ y B) la elongación del ácido graso C18:4$^{\Delta 6,9,12,15}$

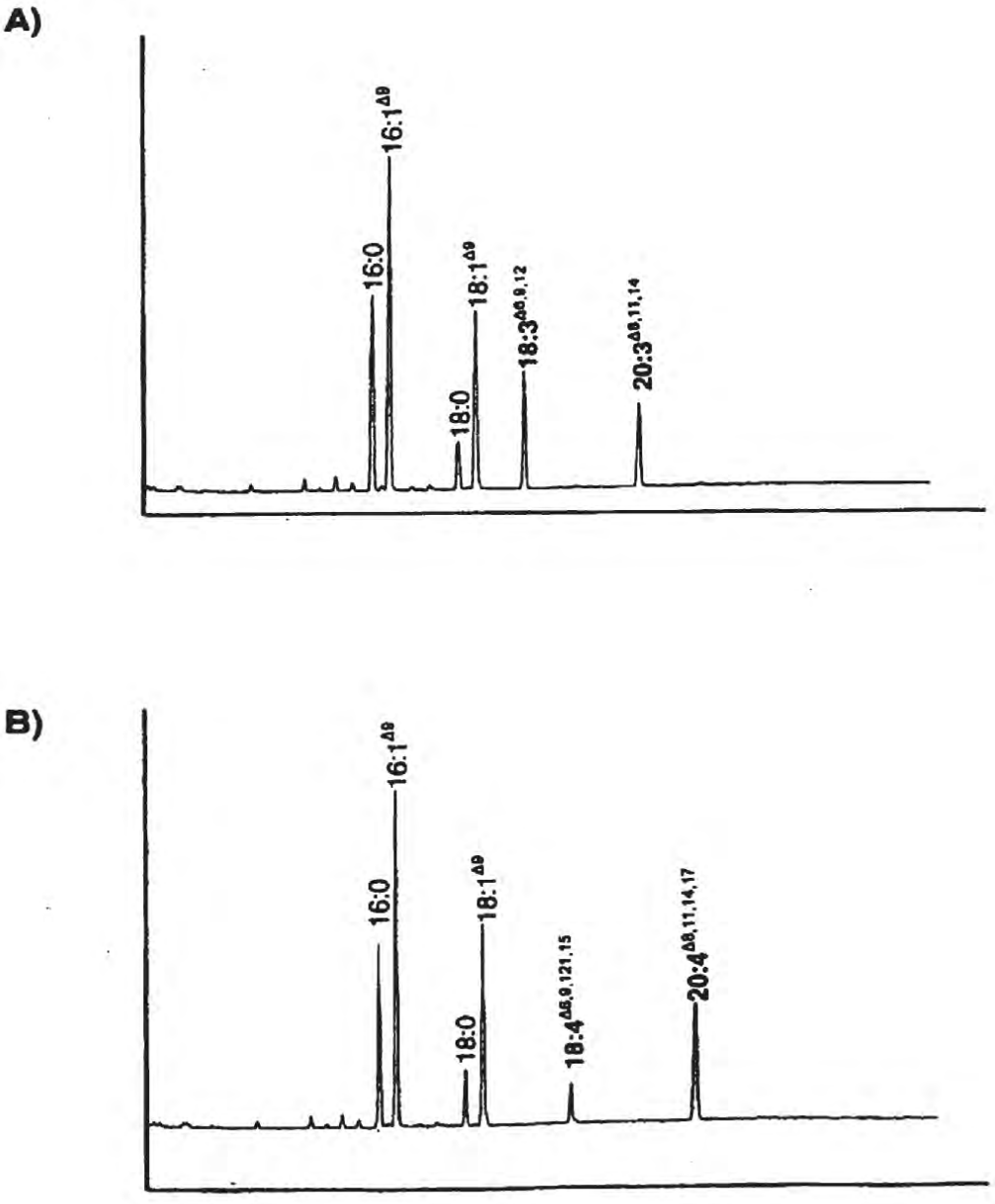


Figura 30: la figura 30 muestra la especificidad de sustrato de PtELO6 en relación a los sustratos alimentados.