

REIVINDICACIONES

1. Una variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa, caracterizada porque comprende de 90% a 100% de identidad con la secuencia para SEQ ID NO: 6 y que tiene al menos una mutación en una posición de aminoácido seleccionada del grupo que consiste de 796, 141, 231, 27, 82, 178, 309, 407, 415, 516 y 666, en donde la variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa cataliza la conversión de un ácido graso a un ácido graso omega-hidroxilado.
2. La variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa de conformidad con la reivindicación 1, caracterizado porque la variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa es una variante de proteína de fusión cyp153A-RedRhF híbrida.
3. La variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa de conformidad con la reivindicación 1, caracterizada porque comprende cualquiera de la SEQ ID NO: 8, 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: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, y SEQ ID NO: 46.

4. Una variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa que tiene una mutación en:

- (a) V141I y A231T, comprendiendo la SEQ ID NO: 32;
- (b) R27L, R82D, V141M, R178N y N407A, comprendiendo la SEQ ID NO: 34;
- (c) A796V, comprendiendo la SEQ ID NO: 38;
- (d) A796V, P666D y T516V, comprendiendo la SEQ ID NO: 40;
- (e) V141I, A231T y A796V, comprendiendo la SEQ ID NO: 42,
- (f) R27L, R82D, V141M, R178N, N407A y A796V, comprendiendo la SEQ ID NO: 44, o
- (g) V141T, A231T y A796V, comprendiendo la SEQ ID NO: 46.

5. La variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa de conformidad con la reivindicación 4, caracterizada porque la variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa cataliza la conversión de un ácido graso a un ácido graso omega-hidroxilado.

6. Una célula hospedera recombinante, caracterizada porque expresa la variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 1 hasta 5 y además expresa al polipéptido tioesterasa de EC 3.1.2.-, EC 3.1.1.5 o EC 3.1.2.14.

7. La célula hospedera recombinante de conformidad con la reivindicación 6, caracterizada porque además comprende un ácido graso omega-hidroxilado.

8. El cultivo celular de conformidad con la reivindicación 7, caracterizado porque el ácido graso omega-hidroxiado comprende uno o más ácidos grasos omega-hidroxiado C₁₂, C₁₆ y C_{16:1}.
9. El cultivo celular de la reivindicación 8, en donde el ácido graso omega-hidroxiado comprende:
- (a). un ácido graso C_{16:1} omega-hidroxiado insaturado; o
 - (b). un ácido graso C₁₂ omega-hidroxiado saturado.
10. Un método para producir un ácido graso omega-hidroxiado que tiene un incremento en el título, caracterizado porque comprende:
- i. cultivar la célula hospedera de conformidad con la reivindicación 6 con una fuente de carbono de una fuente renovable; y
 - ii. recolectar un ácido graso omega-hidroxiado.
11. El método de conformidad con la reivindicación 10, caracterizado porque el ácido graso omega-hidroxiado es un ácido graso omega-hidroxiado saturado.
12. Un microorganismo recombinante para producir un derivado de ácido graso omega-hidroxiado *in vivo* cuando se desarrolla en un caldo de fermentación en presencia de una fuente de carbono de una materia primera renovable, caracterizado porque el microorganismo comprende una ruta modificada para expresar al menos dos secuencias de ácidos nucleico que codifican un polipéptido, que comprende:

- (i) una tioesterasa de EC 3.1.2.-, EC 3.1.1.5, o EC 3.1.2.14; y
- (i) (ii) una variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa que tiene de 90% a 100% de identidad con cualquiera de las secuencias SEQ ID NO: 8, 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: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44 and SEQ ID NO: 46.

13. Una variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa que tiene de 90% a 100% de identidad con la SEQ ID NO. 38 y presenta una mutación que se selecciona del grupo que consiste de D747N, Q12W, Q12T, Q12R, P327D, R14F, N61L, Q28M, S13K, V771F, K119R, D10Y, I11L, Q28T, P745R, D9N, D9K, T770G, Y413R, M784I, E749L, A231Y, S233L, E757A y L703G, en donde variante de polipéptido de fusión híbrido CYP153A-reductasa cataliza la conversión de ácido graso a un ácido graso omega-hidroxilado.