



(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 358 124**

(51) Int. Cl.:
C12N 15/82 (2006.01)
A01H 5/00 (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(96) Número de solicitud europea: **06723862 .6**
(96) Fecha de presentación : **24.03.2006**
(97) Número de publicación de la solicitud: **1883700**
(97) Fecha de publicación de la solicitud: **06.02.2008**

(54) Título: **Plantas que tienen producción incrementada y un método para elaborar las mismas.**

(30) Prioridad: **25.03.2005 EP 05102444**
05.04.2005 US 668076 P

(45) Fecha de publicación de la mención BOPI:
05.05.2011

(45) Fecha de la publicación del folleto de la patente:
05.05.2011

(73) Titular/es: **CROPDESIGN N.V.**
Technologiepark 3
9052 Zwijnaarde-Gent, BE

(72) Inventor/es: **Frankard, Valerie y**
Mironov, Vladimir

(74) Agente: **Carvajal y Urquijo, Isabel**

ES 2 358 124 T3

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

DESCRIPCIÓN

Plantas que tienen producción incrementada y un método para elaborar las mismas.

La presente invención se relaciona de manera general con el campo de la biología molecular y se relaciona con un método para incrementar la producción de semillas de plantas con relación a plantas tipo natural correspondientes. más específicamente, la presente invención se relaciona con un método para incrementar la producción de semillas de plantas que comprende transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido ciclina D3 (CYCD3) bajo el control de un promotor específico para endosperma. La presente invención también se relaciona con plantas que comprenden un ácido nucleico aislado que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma, cuyas plantas tienen producción de semilla incrementada con relación a plantas tipo natural correspondientes. La invención también proporciona construcciones útiles en los métodos de la invención.

La población mundial aún incrementada y la disminución de la oferta de tierra arable disponible para la investigación de combustibles agrícolas hacia la mejora de la eficiencia de la agricultura. Los medios convencionales para el cultivo y las mejoras hortícolas utilizan técnicas de siembra selectivas para identificar plantas que tienen características deseables. Sin embargo, tales técnicas de siembra selectiva tienen varias desventajas, a saber que estas técnicas son típicamente de trabajo intenso y resultan en plantas que frecuentemente contienen componentes genéticos heterogéneos que no siempre resultan en el rasgo deseable que se pasa desde las plantas progenitoras. Los avances en la biología molecular han permitido a la humanidad modificar el germoplasma de animales y plantas. La ingeniería genética de plantas entra en el aislamiento y manipulación del material genético (típicamente en la forma de ADN o ARN) y la introducción posterior de ese material genético dentro de una planta. Tal tecnología tiene la capacidad de suministrar cultivos o plantas que tienen varios rasgos hortícolas, agronómicos o económicos mejorados.

Un rasgo de interés económico particular es la producción. La producción se define normalmente como la medición producida de valor económico de un cultivo y se puede definir en términos de cantidad y/o calidad. La producción depende directamente de varios factores, por ejemplo, el número y tamaño de los órganos, arquitectura de la planta (por ejemplo, el número de ramas), producción de semilla y más. El desarrollo de la raíz, la captación de nutrientes la tolerancia a la tensión también son factores importantes para determinar la producción. Optimizar uno de los factores mencionados anteriormente puede por lo tanto contribuir a incrementar la producción de cultivo.

Un rasgo de interés económico particular es la producción de semilla. Las semillas de planta son una fuente importante de nutrición humana y animal. Los cultivos tal como, maíz, arroz, trigo, canola y soya representan la mitad de la captación calórica humana total, a través del consumo directo de las semillas en sí mismas o a través del consumo de productos alimenticios que surgen en semillas procesadas.

Ellos también son una fuente de azúcares, aceites y muchos tipos de metabolitos utilizados en los procesos industriales. Las semillas contienen un embrión, la fuente de nuevos brotes y raíces después de germinación, y una endosperma, la fuente de nutrientes para el crecimiento del embrión, durante la germinación y el crecimiento temprano de semillas. El desarrollo de una semilla involucra muchos genes, y requiere la transferencia de metabolitos de raíces, hojas y tallos en la semilla que crece. La endosperma, en particular, asimila los precursores metabólicos de polímeros de carbohidrato, aceite y proteínas y los sintetiza en macromoléculas de almacenamiento para llenar el grano.

La capacidad para incrementar la producción de semilla, a través de alterar los rasgos relacionados con la semilla, tal como número de semillas, biomasa de semilla, desarrollo de la semilla, relleno de la semilla o cualquier otro rasgo relacionado con la semilla, o al incrementar el número y tamaño de los órganos de planta, o al influenciar la arquitectura de la planta (por ejemplo, el número de ramas), desarrollo de la raíz, captación de nutrientes o tolerancia a la tensión, tendría muchas aplicaciones en la agricultura, y aún muchos usos no agrícolas, tal como en la producción biotecnológica de sustancias tal como farmacéuticos, anticuerpos o vacunas.

Una de las formas en las que la producción de la planta se puede incrementar es al alterar los mecanismos de crecimiento inherentes de una planta. Los mecanismos de crecimiento inherentes de una planta residen en una secuencia altamente ordenada de eventos conocidos colectivamente como el 'ciclo celular'. La progresión a través del ciclo celular es fundamental para el crecimiento y desarrollo de todos los organismos multicelulares y es crucial para la proliferación celular. Los componentes principales del ciclo celular son altamente conservados en levadura, mamíferos, y plantas. El ciclo celular se divide típicamente en las siguientes fases secuenciales: G0 - G1 - S - G2 - M. La replicación de ADN o síntesis generalmente tiene lugar durante la fase S ("S" es para la síntesis de ADN) y la segregación mitótica de los cromosomas ocurre durante la fase M (la "M" es para mitosis), con fases gap intervinientes, G1 (durante células que crecen antes de la replicación de ADN) y G2 (un periodo después de la replicación de ADN durante el cual la célula se prepara para la división). La división celular se completa después de citocinesis, la última etapa de la fase M. Las células que han salido del ciclo celular y que han estado en reposo se

dice que están en la fase G0. Las células en esta fase se pueden estimular para presentar el ciclo celular en la fase G1. La "G" en G1, G2 y G0 significa "espacio". La terminación del proceso de ciclo celular permite a cada célula hija durante la división celular recibir una copia completa del genoma progenitor.

La división celular se controla por dos eventos de ciclo celular principales, a saber el inicio de síntesis de ADN y el inicio de mitosis. Cada transición a cada uno de estos eventos clave se controla por un punto de revisión representado por los complejos de proteína específicos (involucrados en la replicación de ADN y división). La expresión de los genes necesarios para síntesis de ADN en el límite G1/S se regula por la familia E2F de los factores de transcripción en mamíferos y célula de plantas (La Thangue, 1994; Muller et al., 2001; De Veylder et al., 2002). La entrada en el ciclo celular se regula/activa por un complejo E2F/Rb que integra señales y permite la activación de la transcripción de los genes del ciclo celular. La transición entre las diferentes fases del ciclo celular, y por lo tanto la progresión a través del ciclo celular, se controla mediante la formación y activación de diferentes quinasas de proteína serina/treonina heterodiméricas, generalmente denominadas como quinasas dependientes de ciclina (CDK). Un prerrequisito para la actividad de estas quinasas es la asociación física con una ciclina específica, el tiempo de activación es principalmente dependiente de la expresión de ciclina. La unión de ciclina induce los cambios conformacionales en el lóbulo de Terminal N del CDK asociado y contribuye a la localización y especificidad de sustrato del complejo. Los CDK monoméricos se activan cuando ellos se asocian con ciclinas y así tienen una actividad quinasa. Los niveles de proteína ciclina fluctúan en el ciclo celular y por lo tanto representan un factor principal en determinar el tiempo de activación CDK. La activación periódica de estos complejos que contienen ciclinas y CDK durante el ciclo celular media la regulación temporal de las transiciones de ciclo celular (puntos de control).

Las ciclinas se pueden agrupar en ciclinas mitóticas (designadas ciclinas tipo A- y B en eucariotes mayores y CLB en gemación de levadura) y ciclinas específicas de G1 (designadas ciclinas tipo D en mamíferos y CLN en gemación de levadura). Las ciclinas tipo H regulan la actividad de los CAK (quinasas que activan CDK). Todos los cuatro tipos de ciclinas conocidas en las plantas se identifican mayormente por analogía a sus contrapartes humanas. En *Arabidopsis*, se han descrito diez ciclinas tipo A, nueve tipo B, diez tipo D y una tipo H (Vandepoele et al., 2002).

Las diez ciclinas tipo D en *Arabidopsis* se subdividen en siete subclases, D1 a D7, que reflejan su falta de alta similitud de secuencia una con la otra, que está en contraste con las ciclinas tipo A y tipo B. Solo las subclases D3 y D4 tienen más de un miembro, respectivamente tres y dos. Se ha propuesto previamente la redundancia de las ciclinas tipo D3 como una explicación para la falla de observar fenotipos mutantes luego de modificar genéticamente una ciclina única tipo D3 (Swaminathan et al., 2000). Las dos ciclinas tipo D3 se ligan por medio de duplicación segmental reciente, que sugiere que estas son funcionalmente redundantes. Una hipótesis similar podría tener ciclinas tipo D4, debido a que dos de estas tres se ubican en un bloque duplicado.

La divergencia mucho mayor vista para las ciclinas tipo D que se compara con las ciclinas tipo A- y B puede reflejar el presunto papel de las ciclinas tipo D en integrar señales de desarrollo y pistas ambientales en el ciclo celular. Por ejemplo, las ciclinas tipo D3 han mostrado que responden a hormonas de plantas, tal como citoquininas y brasinoesteroides, mientras que el CYCD2 y CYCD4 se activan más temprano en G1 y reaccionan con disponibilidad de azúcar (para revisión, ver Stals and Inzé, 2001).

La sobreexpresión del gen CYCD2;1 en tabaco se reporta que incrementa la división celular e incrementa el índice de crecimiento de planta general sin alteraciones morfológicas (Cockcroft et al., 2000).

La sobreexpresión en *Arabidopsis* del gen CYCD3;1 bajo el control de un promotor CaMV 35S se reporta que da plantas con cotiledóneas alargadas, un tamaño de planta final dramáticamente reducido y desarrollo distorsionado. En un nivel celular, las células se empujan a G1, originando divisiones celulares ectópicas en ambas regiones meristemáticas y en regiones en las que la división celular está limitada o normalmente ausente. Este incremento en los números de células se acopla a una reducción en el tamaño de la célula (Dewitte et al., 2003).

Es un objeto de la presente invención resolver algunos de los problemas asociados con la expresión de la técnica anterior de CYCD3 en plantas.

Ahora se ha encontrado que transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma da plantas que tienen producción de semilla incrementada con relación a plantas tipo natural correspondientes en particular con relación a plantas transgénicas bajo el control de promotores que no son específicos para endosperma. Por lo tanto de acuerdo con una realización de la presente invención, se proporciona un método para incrementar la producción de semillas de plantas, que comprende transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico de endosperma.

Ventajosamente, el desempeño de los métodos de acuerdo con la presente invención resulta en plantas que tienen producción de semilla incrementada, con relación a plantas tipo natural correspondientes.

El término "producción incrementada" como se define aquí significa un incremento en una cualquiera o más de los siguientes, cada uno con relación a plantas tipo natural correspondientes: (i) biomasa incrementada (peso) de una o más partes de una planta, que puede incluir partes aéreas (cosechable) y/o (cosechable) partes debajo de la tierra, especialmente biomasa de raíz incrementada; (ii) producción de semilla total incrementada, que incluye un incremento en la biomasa de semilla (peso de semilla) y que puede ser un incremento en el peso de semilla por planta y/o en una base de semilla individual y/o por hectárea o acre; (iii) número incrementado de flores ("flores") por panículo (iv) número incrementado de semillas (relleno); (v) tamaño de semilla incrementado, que también puede influenciar la composición de semillas; (vi) volumen de semilla incrementado, que también puede influenciar la composición de las semillas (que incluye aceite, proteína y contenido de carbohidrato total y composición); (vii) área de semilla individual incrementada y/o perímetro de semilla; (viii) longitud y/o ancho de semilla individual incrementado; (ix) índice de cosecha incrementado, que se expresa como una relación de la producción de partes cosechables, tal como semillas, sobre la biomasa total; y (x) peso de mil granos incrementado (TKW), que se extrapola de un número de semillas rellenas contadas y su peso total. Un TKW incrementado puede resultar de un tamaño de semilla incrementado y/o peso de semilla. Un TKW incrementado puede resultar de un aumento en el tamaño del embrión (peso) y/o tamaño de la endosperma (peso). Un incremento en el tamaño de la semilla, volumen de semilla, área de semilla y longitud de semilla puede ser debido a un incremento en partes específicas de una semilla, por ejemplo debido a un incremento en el tamaño del embrión y/o endosperma y/o aleurona y/o escutelo y/o cotiledóneas, u otras partes de una semilla.

Tomando el maíz como un ejemplo, se puede manifestar un incremento en la producción como uno o más de los siguientes: incremento en el número de plantas por hectárea o acre, un incremento en el número de espigas por planta, un incremento en el número de filas, número de granos por fila, peso de grano, peso de mil granos, diámetro/longitud de espigas, incremento en el índice de relleno de semilla (que es el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas y multiplicado por 100), entre otros. Tomando el arroz como un ejemplo, un incremento en la producción se puede manifestar por un incremento en uno o más de los siguientes: número de plantas por hectárea o acre, número de panículas por planta, número de espigas por panículo, número de flores por panículo, incremento en el índice de relleno de semilla, incremento en TKW, entre otros. Un incremento en la producción también puede resultar en arquitectura modificada, o puede ocurrir como un resultado de la arquitectura modificada.

El desempeño de los métodos de la invención resulta en plantas que tienen producción de semilla incrementada. En particular, tal producción de semilla incrementada incluye número incrementado de flores por panículo, producción de semilla total incrementada, índice de cosecha incrementado y TKW incrementado, cada uno con relación a plantas tipo natural correspondientes. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para incrementar la producción de semilla en plantas, cuyo método comprende transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma.

Debido a que las plantas transgénicas de acuerdo con la presente invención tienen producción de semilla incrementada, es fácil que estas plantas exhiban un índice de crecimiento incrementado (durante por lo menos parte de su ciclo de vida), con relación al índice de crecimiento de plantas tipo natural correspondientes en una etapa correspondiente en su ciclo de vida. El índice de crecimiento incrementado puede ser específico para una o más partes de una planta (incluyendo semillas), o pueden estar sustancialmente a lo largo de la planta completa. Una planta que tiene un índice de crecimiento incrementado puede aún exhibir florecimiento temprano. El aumento en el índice de crecimiento puede tener lugar en una o más etapas en el ciclo de vida de una planta o durante sustancialmente el ciclo de vida de la planta completa.

El índice de crecimiento incrementado durante las etapas tempranas en el ciclo de vida de una planta puede reflejar vigor mejorado. El aumento en el índice de crecimiento puede alterar el ciclo de cosecha de una planta lo que permite plantas que se sembrarán más tarde y/o se cosecharán antes de lo que sería de otra forma posible. Si el índice de crecimiento se aumenta suficientemente, este puede permitir la siembra adicional de semillas de la misma especie de planta (por ejemplo siembra y cosecha de plantas de arroz seguido por siembra y cosechas de plantas de arroz adicionales todas dentro de un periodo de crecimiento convencional). De forma similar, si el índice de crecimiento se aumenta suficientemente, esto puede permitir la siembra adicional de semillas de diferentes especies de plantas (por ejemplo la siembra y cosecha de plantas de arroz plantas seguido por, por ejemplo, la siembra y cosecha opcional de soja, papa o cualquier otra planta adecuada). También pueden ser posibles tiempos adicionales de cosecha para el mismo patrón en el caso de algunas plantas de cultivo. Alterar el ciclo de cosecha de una planta puede conducir a un incremento en la producción de biomasa anual por acre (debido a un incremento en el número de tiempos (es decir en un año) que cualquier planta particular que se puede hacer crecer y cosechar). Un aumento en el índice de crecimiento también puede permitir el cultivo de plantas transgénicas en un área geográfica amplia que sus contrapartes tipo naturales, debido a que las limitaciones territoriales para hacer crecer un cultivo se determinan frecuentemente mediante condiciones ambientales adversas en el momento de plantar (estación temprana) o en el tiempo de cosechar (estación tardía). Tales condiciones adversas se pueden evitar si el ciclo de cosecha es más corto. El índice de crecimiento se puede determinar al derivar varios parámetros de las curvas de

crecimiento, tales parámetros pueden ser: T-Mid (el tiempo tomado para plantas que alcanzan 50% de su tamaño máximo) y T-90 (tiempo tomado para plantas que alcanzan 90% de su tamaño máximo), entre otros.

Se describen aquí plantas que tienen un índice de crecimiento incrementado y un método para aumentar el índice de crecimiento de planta con relación al índice de crecimiento de plantas tipo natural correspondientes, cuyo método comprende transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma.

Un incremento en producción de semilla y/o el índice de crecimiento ocurren si la planta está bajo condiciones sin tensión o si se expone la planta a varias tensiones comparado con las plantas de control. Las Plantas típicamente responden a la exposición a la tensión al crecer más lentamente. En condiciones de tensión severa, la planta aún puede detener el crecimiento en conjunto. La tensión moderada, por otra parte, se define aquí como cualquier tensión a la cual se expone una planta que no resulta en cese de crecimiento de la planta en conjunto sin la capacidad de resumir el crecimiento. Debido a los avances en las prácticas agrícolas (irrigación, fertilización, tratamientos pesticidas) las tensiones severas no se encuentran frecuentemente en plantas de cultivo sembradas. Como una consecuencia, el crecimiento comprometido inducido por tensión moderada es frecuentemente una característica indeseable para la agricultura. Las tensiones moderadas son tensiones típicas a las que se puede exponer una planta. Estas tensiones pueden ser las tensiones bióticas y/o abióticas diarias (ambientales) a las cuales se expone una planta. Las tensiones ambientales o abióticas típicas incluyen tensiones de temperatura originadas por temperaturas de frío/congelamiento o calor atípicas; tensiones de sal; tensiones de agua (sequía o exceso de agua). Los químicos también pueden originar tensiones abióticas. Las tensiones bióticas son típicamente aquellas tensiones originadas por patógenos, tal como bacterias, virus, hongos e insectos.

Ventajosamente, el desempeño de los métodos de la invención permite que se incremente la producción de semillas en cualquier planta.

El término "planta" como se utiliza aquí abarca plantas completas, ancestros y progenie de las plantas y partes de la planta, que incluyen semillas, brotes, tallos, hojas, raíces (que incluyen tubérculos), flores, y tejidos y órganos, en donde cada uno de los mencionados anteriormente comprenden el gen/ácido nucleico de interés. El término "planta" también abarca célula de plantas, cultivos de suspensión, tejido calloso, embriones, regiones meristemáticas, gametofitos, esporofitos, polen y microsporas, de nuevo en donde cada uno de los mencionados anteriormente comprende el gen/ácido nucleico de interés.

Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia Viridiplantae, en particular plantas monocotiledóneas y plantas dicotiledóneas que incluyen forraje o leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos de alimentos, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acacia* spp., *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon* spp., *Arachis* spp., *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula* spp., *Brassica* spp., *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra* spp., *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens*, *Chaenomeles* spp., *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronilla varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa*, *Diheteropogon amplexans*, *Dioclea* spp., *Dolichos* spp., *Doynium rectum*, *Echinochloa pyramidalls*, *Ehretia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrostis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperii*, *Eulalia villosa*, *Fagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana*, *Fragaria* spp., *Flemingia* spp., *Freyinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *Ginkgo biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia* spp., *Gossypium hirsutum*, *Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum* spp., *Hemarthra altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hyperthelia dissoluta*, *Indigo incarnata*, *Iris* spp., *Leptarrhena pyrolifolia*, *Lespedeza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus* spp., *Macrotyloma axillare*, *Malus* spp., *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotianum* spp., *Onobrychis* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp., *Peltophorum africanum*, *Pennisetum* spp., *Persea gratissima*, *Petunia* spp., *Phaseolus* spp., *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia* spp., *Picea glauca*, *Pinus* spp., *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthra fleckii*, *Pogonarthra squarrosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes* spp., *Robinia pseudoacacia*, *Rosa* spp., *Rubus* spp., *Salix* spp., *Schyzachyrium sanguineum*, *Sciadopitys verticillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorgo bicolor*, *Spinacia* spp., *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthes humilis*, *Tadehagi* spp., *Taxodium distichum*, *Themeda triandra*, *Trifolium* spp., *Triticum* spp., *Tsuga heterophylla*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vitis vinifera*, *Watsonia pyramidata*, *Zantedeschia aethiopica*, *Zea mays*, amaranto, alcachofa, espárragos, brócoli, col de bruselas, repollo, canola, zanahoria, coliflor, apio, col rizada, lino, col, lenteja, colza, ají turco, cebolla, papa, arroz, soya, fresa, remolacha, caña de azúcar, girasol, tomate, chayote, té y algas, entre otros.

De acuerdo con una realización preferida de la presente invención, la planta es una planta de cultivo. Ejemplos de tales plantas de cultivo incluyen soya, girasol, canola, alfalfa, colza, algodón, tomate, papa y tabaco, entre otros. Adicionalmente preferiblemente, la planta es una planta monocotiledónea. Un tal ejemplo de una planta monocotiledónea es caña de azúcar. Más preferiblemente la planta es un cereal. Ejemplos de tales cereales incluyen arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo y avena.

Un polipéptido CYCD3 se puede identificar utilizando diferentes métodos. Por ejemplo, la secuencia de consulta de proteína puede ser BLASTed (por ejemplo, utilizando parámetros de penalidad BLAST para la penalidad de abertura espacio y la penalidad de extensión de espacio) contra una base de datos de secuencia de ácido nucleico Arabidopsis traducida. La primer coincidencia del resultado BLAST sería un polipéptido Arabidopsis CYCD3. Otro método para identificar un polipéptido CYCD3 es mediante la alineación de la secuencia de consulta con secuencias de proteína CYCD3 conocidas, utilizando por ejemplo el programa AlignX del Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). Las alineaciones múltiples luego se pueden llevar a cabo con una penalidad de abertura de espacio de 10 y una extensión de espacio de 0.01. La edición de manual menor de la alineación también puede ser necesaria con el fin de posicionar mejor algunas regiones conservadas. Si la secuencia de consulta es un polipéptido CYCD3, este se alineará con las secuencias de polipéptido CYCD3 conocidas.

Un "polipéptido CYCD3" como se define aquí se refiere a cualquier secuencia de polipéptido que, cuando se utiliza en la construcción de una ciclina o árbol filogenético de ciclina D, tal como uno descrito en la Fig. 1, cae dentro del grupo ciclina tipo D3 que incluye los polipéptidos CYCD3 (y no otras ciclinas tipo D, tal como ciclina D1, D2, D4, D5, D6 y D7). El desempeño de los métodos de la invención requiere el uso de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos CYCD3. La referencia aquí a un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 es a un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 como se definió anteriormente.

Una persona experta en la técnica podrá determinar fácilmente si cualquier secuencia de polipéptido en cuestión cae dentro de la definición mencionada anteriormente utilizando técnicas conocidas y software para la elaboración de tal un árbol filogenético, tal como un empaque GCG, EBI o CLUSTAL, utilizando parámetros predeterminados. Luego de la construcción de tal un árbol filogenético, las secuencias agrupamiento en el grupo de ciclina tipo D3 se considerará que caen dentro de la definición de un "polipéptido CYCD3". Los ácidos nucleicos que codifican tales secuencias serán útiles en desarrollar los métodos de la invención.

Las ciclinas tipo D3 tienen típicamente la capacidad de unir y activar plantas CDK y Rb. En adición a un cuadro de ciclina y un motivo LxCxE dentro de los primeros 40 o aminoácidos (que es característico de la mayoría de ciclinas tipo D), las ciclinas tipo D3 pueden comprender una o más y preferiblemente todas las regiones conservadas identificadas por los cuadros mostrados en las Figuras 2 y 6. Como se muestra en las Figuras 2 y 6, se permite un emparejamiento erróneo dentro de los cuadros.

Ejemplos de ácidos nucleicos que codifica los polipéptidos CYCD3 que caen bajo la definición mencionada anteriormente de un polipéptido CYCD3 se dan en la Tabla 1 adelante. El ácido nucleico que codifica los CYCD3 mostrado en la Tabla 1 puede ser útil en desarrollar los métodos de la invención, es decir para obtener plantas que tienen producción de semilla mejorada con relación a plantas tipo natural correspondientes al transformar una planta con uno cualquiera de estos ácidos nucleicos bajo el control de un promotor específico para endosperma. Las variantes del ácido nucleico que codifica los CYCD3 de la Tabla 1 también son ventajosamente útiles en los métodos de la invención. SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 48 o las variantes se prefieren para uso en los métodos de la presente invención.

Las variantes de un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 como se define aquí típicamente aseguran una porción sustancial de la proteína completa que puede comprender en adición a un cuadro de ciclina y un motivo LxCxE dentro de los primeros 40 o aminoácidos (que es una característica de la mayoría de ciclinas tipo D), una o más y preferiblemente todas las regiones conservadas identificadas por los cuadros mostrados en las Figuras 2 y 6 (como se muestra en las Figuras 2 y 6, se permite un ajuste erróneo dentro de los cuadros).

Ejemplos de polipéptidos CYCD3 como se definió aquí anteriormente se muestran en la Tabla 1 (codificado por las secuencias de polinucleótido con número de acceso NCBI). La secuencia de polipéptido CYCD3 preferida para el desempeño de la invención se representa por la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 49 o una porción sustancial del mismo.

Los polipéptidos CYCD3 pueden ser la proteína completa codificada por los ácidos nucleicos, o pueden ser porciones de la proteína codificada. Preferiblemente, los ácidos nucleicos proporcionados aquí codifican los polipéptidos CYCD3 que constituyen una porción sustancial de la proteína completa que comprende, en adición a un cuadro de ciclina y un motivo LxCxE dentro de los primeros 40 o aminoácidos (que es una característica de la mayoría de ciclinas tipo D), una o más y preferiblemente todas las regiones conservadas identificadas por los cuadros mostrados en las Figuras 2 y 6 (como se muestra en las Figuras 2 y 6, se permite un ajuste erróneo dentro de los cuadros). La porción se puede utilizar en forma aislada o esta se puede fusionar a otras secuencias codificantes (o no codificantes) con el fin de, por ejemplo, producir una proteína que combina varias actividades.

Cuando se fusiona a otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido luego de traducción puede ser más grande que el predicho para el fragmento CYCD3.

Tabla 1: Ejemplos de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos CYCD3

Nombre	Número de acceso de ácido nucleico NCBI	Fuente	SEQ ID NO de ácido nucleico	SEQ ID NO de polipéptido
Antma_cycD3a	AJ250397	Antirrhinum majus	SEQ ID NO: 6	SEQ ID NO: 7
Antma_cycD3b	AJ250398	Antirrhinum majus	SEQ ID NO: 8	SEQ ID NO: 9
Arath_CYCD3;1	NM_119579.2	Arabidopsis thaliana	SEQ ID NO:10	SEQ ID NO: 11
Arath_CYCD3;2	NM_126126.2	Arabidopsis thaliana	SEQ ID NO: 12	SEQ ID NO: 13
Arath_CYCD3;3	NM_114867.2	Arabidopsis thaliana	SEQ ID NO: 1	SEQ ID NO: 2
Eupes_cycD3;2	AY340588	Euphorbia esula	SEQ ID NO: 14	SEQ ID NO: 15
Eupes_cycD3;1	AY340589	Euphorbia esula	SEQ ID NO: 16	SEQ ID NO: 17
Helan_cycD3	AY033440	Helianthus annuus	SEQ ID NO: 18	SEQ ID NO: 19
Heltu_cycD3;1	AY063461	Helianthus tuberosus	SEQ ID NO: 20	SEQ ID NO: 21
Lagsi_cycD3;1	AF519810	Lagenaria siceraria	SEQ ID NO: 22	SEQ ID NO: 23
Lagsi_cycD3;2	AF519811	Lagenaria siceraria	SEQ ID NO: 24	SEQ ID NO: 25
Lyces_cycD3;1	AJ002588	Lycopersicum esculentum	SEQ ID NO: 26	SEQ ID NO: 27
Lyces_cycD3;2	AJ002589	Lycopersicum esculentum	SEQ ID NO: 28	SEQ ID NO: 29
Lyces_cycD3;3	AJ002590	Lycopersicum esculentum	SEQ ID NO: 30	SEQ ID NO: 31
Medsa_cycD3	X88864	Medicago sativa	SEQ ID NO: 32	SEQ ID NO: 33
Nicta_cycD3;1	AJ011893	Nicotiana tabacum	SEQ ID NO: 34	SEQ ID NO: 35
Nicta_cycD3;2	AJ011894	Nicotiana tabacum	SEQ ID NO: 36	SEQ ID NO: 37
Nicta_cycD3;3	AB015222	Nicotiana tabacum	SEQ ID NO: 38	SEQ ID NO: 39
como Orysa_cycD3-	AK103499.1	Oryza sativa	SEQ ID NO: 40	SEQ ID NO: 41
Plssa_cycD3	AB008188	Pisum sativum	SEQ ID NO: 42	SEQ ID NO: 43
Popal_cycD3	AY230139	Populus alba	SEQ ID NO: 44	SEQ ID NO: 45
Poptr_cycD3	AF181993	Populus tremula x Populus tremuloides	SEQ ID NO: 46	SEQ ID NO: 47
*Arath_cycD3_modificado	NA	Arabidopsis thaliana	SEQ ID NO: 48	SEQ ID NO: 49

Nombre	Número de acceso de ácido nucleico NCBI	Fuente	SEQ ID NO de ácido nucleico	SEQ ID NO de polipéptido
Aqufo_CycD3	DT755971.1 DT749271	Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens	SEQ ID NO: 50	SEQ ID NO: 51
Camsi_CycD3	AB247282	Camellia sinensis	SEQ ID NO: 52	SEQ ID NO: 53
Camsi_CycD3;2	AB247283	Camellia sinensis	SEQ ID NO: 54	SEQ ID NO: 55
Citsi_CycD3	CX676162 CX676163	Citrus sinensis	SEQ ID NO: 56	SEQ ID NO: 57
Glyma_CycD3	AY439098	Glycine max	SEQ ID NO: 58	SEQ ID NO: 59
Goshi_CycD3	DT571998 DT543827.1	Gossypium hirsutum	SEQ ID NO: 60	SEQ ID NO: 61
Lotco_CycD3	AP008090	Lotus corniculatus	SEQ ID NO: 62	SEQ ID NO: 63
Medtr_CycD3	DY615448.1	Medicago trunculata	SEQ ID NO: 64	SEQ ID NO: 65
Scuba_CycD3	AB205135.1	Scutellarla baicalensis	SEQ ID NO: 66	SEQ ID NO: 67
Zeama_CycD3 como 2	DV509394.1 DV028752.1	Zea mays	SEQ ID NO: 68	SEQ ID NO: 69
Zeama_CycD3 como 3	DT948601.1 DT642394.1	Zea mays	SEQ ID NO: 70	SEQ ID NO: 71
*No contiene codón de parada, que genere un transcripto mayor; la porción extra resultante no se considera que afecta la función comparado con una secuencia no modificada correspondiente (SEQ ID NO: 2).				

También son útiles en los métodos de la presente invención las variantes del ácido nucleico que codifica los CYCD3 proporcionados aquí. Tales variantes se pueden derivar de cualquier fuente natural o artificial. El ácido nucleico/gen o su variante se puede asilar de una fuente microbiana, tal como levadura u hongos, o de una fuente de planta, algas o animal (que incluyen humano). Este ácido nucleico se puede modificar de su forma nativa en el ambiente de la composición y/o genómico a través de la manipulación humana deliberada. El ácido nucleico es preferiblemente de origen de planta, de la misma especie de planta (por ejemplo a uno de los cuales este se introduce) o de una especie diferente de planta. El ácido nucleico se puede aislar de una especie dicotiledónea, preferiblemente de la familia Brassicaceae, adicionalmente preferiblemente de Arabidopsis thaliana. Más preferiblemente, el ácido nucleico que codifica CYCD3 que se aísla de Arabidopsis thaliana se representa por la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48, y la secuencia de polipéptido CYCD3 es como se representa por la SEQ ID NO: 2 o SEQ ID NO: 49.

Un ejemplo de una variante de un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen es un ácido nucleico capaz de hibridar bajo condiciones de exigencia reducida, preferiblemente bajo condiciones exigentes, con un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen que codifica un polipéptido que, cuando se utiliza en la construcción de una ciclina o un árbol filogenético de ciclina D en un grupo de ciclina tipo D3 que incluye el CYCD3 como en la SEQ ID NO: 2 o SEQ ID NO: 49. Preferiblemente, una variante de un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen es un ácido nucleico capaz de hibridar con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3, cuyo polipéptido comprende, en adición al cuadro de ciclina y un motivo LxCxE dentro de los primeros 40 o aminoácidos, una o más y preferiblemente todas las regiones conservadas identificadas por los cuadros mostrados en las Figuras 2 y 6 (como se muestra en las Figuras 2 y 6, se permite un ajuste erróneo dentro de los cuadros). Se prefiere un ácido nucleico capaz de hibridar con un ácido nucleico representado por la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48. También son útiles en los métodos de la invención cualquier ácido nucleico capaz de hibridar con cualquiera de los ácidos nucleicos que codifican CYCD3 mostrados en la Tabla 1.

El término "hibridación" como se define aquí es un proceso en donde las secuencias de nucleótido complementarias sustancialmente homólogas hibridan una con la otra. El proceso de hibridación puede ocurrir completamente en la solución, es decir ambos ácidos nucleicos complementarios están en la solución. El proceso de hibridación también puede ocurrir con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados en una matriz tal como glóbulos magnéticos, glóbulos de Sefarosa o cualquier otra resina. El proceso de hibridación puede ocurrir adicionalmente

con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados en un soporte sólido tal como una nitrocelulosa o membrana de nylon o se inmoviliza mediante por ejemplo fotolitografía en, por ejemplo, un soporte vítreo silíceo (el último conocido como disposiciones o microdisposiciones de ácido nucleico o como trozos de ácido nucleico). Con el fin de permitir que ocurra la hibridación, las moléculas de ácido nucleico generalmente se desnaturalizan térmicamente o químicamente para fusionar una cepa doble en dos únicas cepas y/o para remover las horquillas u otras estructuras secundarias de ácidos nucleicos monocatenarios. La exigencia de la hibridación se influencia mediante condiciones tal como temperatura, concentración de sal, resistencia iónica y composición de amortiguador de hibridación.

"Condiciones de hibridación exigentes" y "condiciones de lavado de hibridación exigentes" en el contexto de los experimentos de hibridación de ácido nucleico tal como hibridaciones Southern y Northern son dependientes de secuencia y son diferentes bajo diferentes parámetros ambientales. Una persona experta en la técnica tendrá en cuenta varios parámetros que se pueden alterar durante hibridación y lavado y que mantendrán o cambiarán las condiciones exigentes.

El T_m es la temperatura bajo resistencia iónica definida y pH, en la que 50% de la secuencia objetivo hibrida a una sonda perfectamente emparejada. El T_m es dependiente de las condiciones de solución y la composición base y la longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias mayores hibridan específicamente a altas temperaturas. El índice máximo de hibridación se obtiene de aproximadamente 16°C hasta 32°C por debajo de T_m . La presencia de cationes monovalentes en la solución de hibridación reducen la repulsión electrostática entre las dos cepas ácido nucleico por lo cual promueven la formación de híbrido; este efecto es visible para concentraciones de sodio de hasta 0.4M. La formamida reduce la temperatura de fusión de los dúplex de ADN-ADN y ADN-ARN con 0.6 a 0.7°C para cada porcentaje de formamida, y la adición de 50% de formamida permite desarrollar hibridación de 30 a 45°C, aunque el índice de hibridación será más bajo. Los emparejamientos incorrectos de par base reducen el índice de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. En promedio y para sondas grandes, el T_m reduce aproximadamente 1°C por % de base de emparejamiento incorrecto. El T_m se puede calcular utilizando las siguientes ecuaciones, dependiendo de los tipos de híbridos:

1. Híbridos ADN-ADN (Meinkoth and Wahl, Anal. Biochem., 138: 267-284, 1984):

$$T_m = 81.5^\circ\text{C} + 16.6 \times \log[\text{Na}^+]^a + 0.41 \times \%[\text{G/C}^b] - 500 \times [\text{L}^c]^{-1} - 0.61 \times \% \text{ formamida}$$

2. Híbridos de ADN-ADN o ARN-ARN:

$$T_m = 79.8 + 18.5 (\log_{10}[\text{Na}^+]^a) + 0.58 (\% \text{G/C}^b) + 11.8 (\% \text{G/C}^b)^2 - 820/\text{L}^c$$

3. Híbridos oligo-ADN o oligo-ARNd:

Para <20 nucleótidos: $T_m = 2 (I_n)$

Para 20-35 nucleótidos: $T_m = 22 + 1.46 (I_n)$

^a o para otro catión monovalente, pero solo exacto en el rango 0.01-0.4 M.

^b solo exacto para %GC en el rango de 30% a 75%.

^c L = longitud de dúplex en pares base.

^d Oligo, oligonucleótido; I_n , longitud efectiva del cebador = $2X(\text{no. de G/C}) + (\text{no. de A/T})$.

Nota: para cada 1 % de formamida, el T_m se reduce mediante aproximadamente 0.6 a 0.7°C, aunque la presencia de 6 M de urea reduce el T_m mediante aproximadamente 30°C

La especificidad de hibridación es típicamente la función de lavados post-hibridación. Para remover el antecedente resultante de la hibridación no específica, las muestras se lavan con soluciones de sal diluidas. Los factores críticos de tales lavados incluyen la resistencia iónica y la temperatura de la solución de lavado final: la concentración de sal menor y la temperatura de lavado mayor, la exigencia mayor del lavado. Las condiciones de lavado típicamente se desarrollan en o por debajo de la exigencia de hibridación. Generalmente, las condiciones exigentes adecuadas para los ensayos de hibridación de ácido nucleico o procedimientos de detección de amplificación de gen son como se establecieron anteriormente. Las condiciones de mayor o menor exigencia también se pueden seleccionar. Generalmente, las condiciones de exigencia baja se seleccionan por ser aproximadamente 50°C menores que el

5

punto de fusión térmico (T_m) para la secuencia específica en una resistencia iónica definida y pH. Las condiciones de exigencia medias son cuando la temperatura es 20°C por debajo de T_m , y las condiciones de alta exigencia son cuando la temperatura es 10°C por debajo de T_m . Por ejemplo, las condiciones exigentes son aquellas que son por lo menos tan exigentes como, por ejemplo, las condiciones A-L; y las condiciones exigentes reducidas son por lo menos tan exigentes como, por ejemplo, las condiciones M-R. La unión no específica se puede controlar utilizando cualquiera de un número de técnicas conocidas tal como, por ejemplo, bloquear la membrana con las soluciones que contienen proteína, adicionales de ARN heterólogo, ADN, y SDS para el amortiguador de hibridación, y el tratamiento con RNasa. Ejemplos de hibridación y condiciones de lavado se listan en la Tabla 2 adelante.

Tabla 2: Ejemplos de hibridación y condiciones de lavado

Condición exigente	Híbrido de polinucleótido $\pm$	Longitud del híbrido (bp) $\pm$	Temperatura de hibridación y amortiguador $\dagger$	Temperatura de lavado y amortiguador $\dagger$
A	ADN:ADN	> o igual a 50	65°C 1_SSC; o 42°C, 1XSSC y 50% de formamida	65°C; 0.3_SSC
B	ADN:ADN	<50	Tb*; 1XSSC	Tb*; 1XSSC
C	ADN:ARN	> o igual a 50	67°C 1XSSC; o 45°C, 1XSSC y 50% de formamida	67°C; 0.3XSSC
D	ADN:ARN	<50	Td*; 1XSSC	Td*; 1XSSC
E	ARN:ARN	> o igual a 50	70°C 1XSSC; o 50°C, 1XSSC y 50% de formamida	70°C; 0.3XSSC
F	ARN:ARN	<50	Tf*; 1XSSC	Tf*; 1XSSC
G	ADN:ADN	> o igual a 50	65°C 4_SSC; o 45°C, 4_SSC y 50% de formamida	65°C; 1XSSC
H	ADN:ADN	<50	Th*; 4_SSC	Th*; 4_SSC
I	ADN:ARN	> o igual a 50	67°C 4_SSC; o 45°C, 4_SSC y 50% de formamida	67°C; 1XSSC
J	ADN:ARN	<50	Tj*; 4_SSC	Tj*; 4_SSC
K	ARN:ARN	> o igual a 50	70°C 4XSSC; o 40°C, 6XSSC y 50% de formamida	67°C; 1XSSC
L	ARN:ARN	<50	T1*; 2_SSC	T1*; 2XSSC
M	ADN:ADN	> o igual a 50	50°C 4XSSC; o 40°C, 6XSSC y 50% de formamida	50°C; 2XSSC
N	ADN:ADN	<50	Tn*; 6XSSC	Tn*; 6XSSC
O	ADN:ARN	> o igual a 50	55°C 4XSSC; o 42°C, 6XSSC y 50% de formamida	55°C; 2XSSC

Condición exigente	Híbrido de polinucleótido ±	Longitud del híbrido (bp) ±	Temperatura de hibridación y amortiguador †	Temperatura de lavado y amortiguador †
P	ADN:ARN	<50	Tp*; 6XSSC	Tp*; 6XSSC
Q	ARN:ARN	> o igual a 50	60°C 4XSSC; o 45°C, 6XSSC y 50% de formamida	60°C.; 2XSSC
R	ARN:ARN	<50	Tr*; 4 XSSC	Tr*; 4XSSC

‡ La "longitud de híbrido" es la longitud anticipada para el ácido nucleico hibridizante. Cuando los ácidos nucleicos de la secuencia conocida se hibridan, la longitud del híbrido se puede determinar al alinear las secuencias e identificar las regiones conservadas descritas aquí.

† SSPE (1XSSPE es 0.15M NaCl, 10mM NaH₂PO₄, y 1.25mM EDTA, pH7.4) se puede sustituir por SSC (1XSSC es 0.15M NaCl y 15mM citrato de sodio) en la hibridación y amortiguadores de lavado; los lavados se desarrollan durante 15 minutos después que se completa la hibridación. Las hibridaciones y los lavados incluyen adicionalmente reactivo 5 X Denhardt, 0.5-1.0% SDS, 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado, desnaturalizado, 0.5% de pirofosfato de sodio, y hasta 50% de formamida.

* Tb-Tr: La temperatura de hibridación para los híbridos que se anticipa por ser menos de 50 pares base en longitud debe ser 5-10°C menos que la temperatura de fusión T_m de los híbridos; el T_m se determina de acuerdo con las ecuaciones mencionadas anteriormente.

± La presente invención también abarca la sustitución de uno cualquiera, o más patrones de híbrido de ADN o ARN con un PNA, o un ácido nucleico modificado.

Para los propósitos de definir el nivel de exigencia, se puede hacer referencia a Sambrook et al. (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ra Edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York o a Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989).

- 5 Los ácidos nucleicos que codifican "homólogos" de un polipéptido CYCD3 también pueden ser útiles en la presente invención. Los homólogos abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, eliminaciones y/o inserciones de aminoácido, con relación a la proteína no modificada en cuestión y tiene similar actividad funcional y biológica como la proteína no modificada de la cual ellos se derivan. Para producir tales homólogos, los aminoácidos de la proteína se pueden reemplazar por otros aminoácidos que tienen propiedades similares (tal como hidrofobicidad, hidrofiliidad, antigenicidad, propensión similar para formar o romper estructuras helicoidales α o estructuras de lámina β). Las tablas de sustitución conservadora son bien conocidas en la técnica (ver por ejemplo Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman and Company y Tabla 3 adelante).

- 15 El término "homólogo" también abarca dos formas especiales de homología, que incluyen secuencias ortólogas y secuencias parálogas, que abarcan conceptos evolucionarios utilizados para describir las relaciones ancestrales de los genes. El término "parálogos" se relaciona con duplicados de gen dentro del genoma de una especie que conduce a genes parálogos. El término "ortólogo" se relaciona con genes homólogos en diferentes organismos debido a especiación. Ejemplos de homólogos de un polipéptido CYCD3 se dieron en la Tabla 1 aquí anteriormente.

- 20 Los ortólogos en, por ejemplo, especies de plantas monocotiledóneas se pueden encontrar fácilmente al desarrollar una búsqueda blast recíproca así llamada. Esto se puede hacer mediante un primer blast que involucra hacer una búsqueda blast de una secuencia de consulta (por ejemplo SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 48 o SEQ ID NO: 49) contra cualquier base de datos de secuencia, tal como la base de datos NCBI públicamente disponible que se puede encontrar en: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Se puede utilizar BLASTn o TBLASTX cuando se parte de secuencia de nucleótido, o BLASTP o TBLASTN cuando se parte de la proteína, con valores predeterminados estándar. Los resultados BLAST se pueden filtrar opcionalmente. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o los resultados no filtrados se les práctica nuevamente búsqueda BLAST (segundo BLAST) contra las secuencias del organismo de las cuales se deriva la secuencia de consulta. Los resultados de los primeros y segundos BLAST luego se comparan. Un parólogo se identifica si una coincidencia de alto nivel del segundo blast es de la misma especie como de la que se deriva la secuencia de consulta; un ortólogo se identifica si una coincidencia de alto nivel no es de la misma especie como de la que se deriva la secuencia de consulta. Las

coincidencias de alto nivel son aquellas que tienen un valor E bajo. El valor E inferior, la clasificación más significativa (o en otras palabras, menor será la posibilidad de que la coincidencia sea encontrada por casualidad). La computación del valor E es bien conocido en la técnica. En el caso de familias grandes, se puede utilizar ClustalW, seguido por un árbol de unión vecino, para ayudar a visualizar el agrupamiento de los genes relacionados y para identificar los ortólogos y parálogos.

Los ortólogos y parálogos identificados como se describió aquí anteriormente son útiles en desarrollar los métodos de la invención. De acuerdo con la invención, se proporciona un método para incrementar la producción de semillas de plantas, que comprende transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un ortólogo o un parálogo de un polipéptido CYCD3 representado por la SEQ ID NO: 2 o SEQ ID NO: 49, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor específico para endosperma.

Un homólogo puede estar en la forma de una "variante sustitucional" de una proteína, es decir en donde por lo menos un residuo en una secuencia de aminoácido se ha removido y un residuo diferente se inserta en su lugar. Las sustituciones de aminoácido son típicamente de residuos únicos, pero se puede agrupar dependiendo de las restricciones funcionales colocadas en el polipéptido; las inserciones serán usualmente del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos de aminoácido. Preferiblemente, las sustituciones de aminoácido comprenden sustituciones de aminoácido conservadoras. Las tablas de sustitución conservadora están fácilmente disponibles en la técnica. La Tabla 3 adelante da ejemplos de sustituciones de aminoácido conservadas.

Tabla 3: Ejemplos de sustituciones de aminoácido conservadas

Residuo	Sustituciones conservadoras	Residuo	Sustituciones conservadoras
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu, Val		

Un homólogo también puede estar en la forma de una "variante insercional" de una proteína, es decir en donde se introducen uno o más residuos de aminoácido en un sitio predeterminado en una proteína. Las inserciones pueden comprender fusiones de terminal N y/o de terminal C así como también inserciones intra-secuencia de únicos o múltiples aminoácidos. Generalmente, las inserciones dentro de la secuencia de polipéptido serán más pequeñas que las fusiones de terminal N- o C, del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos. Ejemplos de proteínas o péptidos de fusión de terminal N- o C incluyen el dominio de unión o el dominio de activación de un activador transcripcional como se utiliza en el sistema de dos híbridos de levadura, proteínas de recubrimiento de fago, etiqueta (histidina)-6-, etiqueta glutatona S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, etiqueta de epítipo -100, epítipo c-myc, epítipo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítipo HA, epítipo de proteína C y epítipo VSV.

Los homólogos en la forma de "variantes de eliminación" de una proteína se caracterizan por la remoción de uno o más aminoácidos de una proteína.

- Las variantes de polipéptido de una proteína se pueden hacer fácilmente utilizando técnicas sintéticas de péptido bien conocidas en la técnica, tal como síntesis de péptido de fase sólida y similares, o mediante manipulaciones de ADN recombinante. Los métodos para la manipulación de las secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o eliminación de una proteína son bien conocidos en la técnica. Por ejemplo, las técnicas para hacer las mutaciones de sustitución en los sitios predeterminados en el ADN son bien conocidos por aquellos expertos en la técnica e incluyen mutagenia M13, mutagenia T7-Gen in vitro (USB, Cleveland, OH), mutagenia Dirigida a Sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagenia dirigida a sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagenia dirigida a sitio.
- El polipéptido CYCD3 puede ser un derivado. "Derivados" de una proteína abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que comprenden residuos de aminoácido de ocurrencia natural alterados (glicosilados, acilados, ubiquinados, prenilados, fosforilados, miristoilados, sulfatados etc.) o alterados de ocurrencia no natural comparado con la secuencia de aminoácido de una forma de ocurrencia natural del polipéptido. Un derivado también puede comprender uno o más sustituyentes de no aminoácido o adiciones comparado con la secuencia de aminoácido de la cual este se deriva, por ejemplo una molécula indicadora u otro ligando, unido covalentemente o no covalentemente a la secuencia de aminoácido, tal como una molécula indicadora que se vincula para facilitar su detección, y los residuos de aminoácido de ocurrencia no natural con relación a la secuencia de aminoácido de una proteína de ocurrencia natural.
- El polipéptido CYCD3 se puede codificar por una variante de división alternativa de un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen. El término "variante de división alternativa" como se utiliza aquí abarca variantes de una secuencia de ácido nucleico en la cual los intrones y/o exones seleccionados se han cortado, mantenido, reemplazado o agregado, o en la cual los intrones se han acortado o alargado. Tales variantes serán unas en las que la actividad biológica de la proteína se retiene, que se puede lograr mediante segmentos funcionales que se retienen selectivamente de la proteína. Tales variantes de división se pueden encontrar en la naturaleza o se pueden hacer por el hombre. Los métodos para elaborar tales variantes de división son bien conocidos en la técnica.
- De acuerdo con la invención, se proporciona un método para incrementar la producción de semillas de plantas, que comprende transformar una planta con una variante de división de un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma.
- Las variantes de división preferidas son variantes de división de un ácido nucleico que codifica un polipéptido que, cuando se utiliza en la construcción de una ciclina o árbol filogenético de ciclina D, cae dentro del grupo tipo D3 que incluye el CYCD3 representado por la SEQ ID NO: 2 o SEQ ID NO: 49. Tales variantes de división pueden ser variantes de división de cualquiera de los ácidos nucleicos mencionados en la Tabla 1 anterior. Las variantes de división de la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48 se prefieren particularmente para uso en los métodos de la invención.
- El polipéptido CYCD3 también se puede codificar por una variante alélica de un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen. Las variantes alélicas que existen en la naturaleza, y se abarcan dentro de los métodos de la presente invención es el uso de estos alelos naturales. Las variantes alélicas abarcan Polimorfismos de Nucleótido Únicos (SNP), así como también Polimorfismos de Inserción/Eliminación Pequeños (INDEL). El tamaño de los INDEL es usualmente menos que 100 bp. Los SNP y INDEL forman el conjunto mayor de las variantes de secuencia en las cepas polimórficas de ocurrencia natural de la mayoría de organismos.
- De acuerdo con la invención, se proporciona un método para incrementar la producción de semillas de plantas, que comprende transformar una planta con una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma.
- Las variantes alélicas preferidas son variantes alélicas de un ácido nucleico que codifica un polipéptido que, cuando se utiliza en la construcción de una ciclina o árbol filogenético de ciclina D cae dentro del grupo tipo D3 que incluye el CYCD3 como en la SEQ ID NO: 2 o SEQ ID NO: 49. Tales variantes alélicas pueden ser variantes alélicas de cualquiera de los ácidos nucleicos mencionados en la Tabla 1 anterior. Las variantes alélicas de la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48 se prefieren particularmente para uso en los métodos de la invención.
- La mutagenia dirigida a sitio y la evolución dirigida son ejemplos de tecnologías que permiten la generación de variantes CYCD3 novedosas.
- Varios métodos están disponibles para alcanzar la mutagenia dirigida a sitio, los métodos con base en PCR más comunes (protocolos actuales en molecular biology. Wiley Eds. <http://www.4ulr.com/products/currentprotocols/index.html>).
- La evolución dirigida, también conocida como mezcla génica, también se puede utilizar para generar variantes de ácido nucleico que codifica los CYCD3. Esto consiste de iteraciones de mezcla de ADN seguido por detección apropiada y/o selección para generar variantes de ácido nucleico que codifica los CYCD3 o sus porciones que

codifican los polipéptidos CYCD3 o sus porciones que tienen actividad biológica modificada (Castle et al., (2004) Science 304(5674): 1151-4; patentes US 5,811,238 y 6,395,547).

Por lo tanto, el ácido nucleico introducido dentro de una planta puede ser uno obtenido a través de las técnicas de mutagenia dirigida a sitio o evolución dirigida o cualquier otro método conocidos para la generación de tales secuencias de variante.

El ácido nucleico a ser introducido dentro de una planta puede ser un ácido nucleico de longitud completa o puede ser una secuencia variante como se definió aquí anteriormente. De acuerdo con un aspecto preferido de la presente invención, se prevé que incrementa la expresión del ácido nucleico que codifica CYCD3. Los métodos para incrementar la expresión de los genes o productos de gen están bien documentados en la técnica e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión dirigida por promotores apropiados, el uso de mejoradores de transcripción o mejoradores de traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como elementos promotores o mejoradores se puede introducir en una posición apropiada (típicamente en la dirección 5') de una forma no heteróloga de un polinucleótido con el fin de sobreregular la expresión de un ácido nucleico que codifica CYCD3 o su variante. Por ejemplo, los promotores endógenos se pueden alterar in vivo mediante mutación, eliminación, y/o sustitución (ver, Kmiec, Patente U.S. No. 5,565,350; Zarling et al., WO 93/22443), o los promotores aislados se pueden introducir dentro de una célula de planta en la orientación y distancia apropiada de un gen de la presente invención con el fin de controlar la expresión del gen. Los métodos para reducir la expresión de los genes o productos de gen están bien documentados en la técnica.

Si se desea la expresión del polipéptido, es generalmente preferible incluir una región de poliadenilación en el extremo 3' de una región que codifica el polinucleótido. La región de poliadenilación se puede derivar del gen natural, de una variedad de otros genes de planta, o de T-ADN. La secuencia de extremo 3' a ser agregada se puede derivar de, por ejemplo, los genes de sintasa nopalina o sintasa octopina, o alternativamente de otro gen de planta, o menos preferiblemente de cualquier otro gen eucariótico.

También se puede agregar una secuencia de intrón a la región no traducida 5' o la secuencia codificante de la secuencia codificante parcial para incrementar la cantidad de mensaje maduro que se acumula en el citosol. La inclusión de un intrón divisible en la unidad de transcripción en las construcciones de expresión de planta y animal ha mostrado que incrementa la expresión de gen en los niveles de mRNA y proteína hasta 1000 veces, Buchman y Berg, Mol. Cell Biol. 8:4395-4405 (1988); Callis et al., Genes Dev. 1:1183-1200 (1987). Tal mejoramiento de intrón se la expresión de gen es típicamente mayor cuando se coloca cerca al extremo 5' de la unidad de transcripción. Se conoce en la técnica el uso de los intrones de maíz Adh1-S Intrón 1, 2, y 6, el intrón Bronze-1. Ver generalmente, The Maize Handbook, Chapter 116, Freeling and Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

La invención también proporciona construcciones genéticas y vectores para facilitar la introducción y/o expresión de las secuencias de nucleótido útiles en los métodos de acuerdo con la invención.

Por lo tanto, se proporciona una construcción de gen que comprende:

- (i) Un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3;
- (ii) una o más secuencias de control específicas para endosperma que conducen la expresión del ácido nucleico de (i) en la endosperma de semillas; y opcionalmente
- (iii) Una secuencia de terminación de transcripción.

El ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 puede ser cualquier ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 como se definió aquí anteriormente. Particularmente se prefieren los ácidos nucleicos descritos en la Tabla 1, particularmente el ácido nucleico representado por la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48. También se prefieren variantes de ácido nucleico de los ácidos nucleicos descritos en la Tabla 1, tales variantes son como se definió anteriormente.

Las construcciones útiles en los métodos de acuerdo con la presente invención se pueden construir utilizando tecnología de ADN recombinante bien conocida por las personas expertas en la técnica. Las construcciones de gen se pueden insertar dentro de vectores, que pueden estar comercialmente disponibles, adecuados para transformar en plantas y adecuados para la expresión del gen de interés en las células transformadas. La invención por lo tanto proporciona el uso de una construcción gen como se definió aquí anteriormente en los métodos de la invención.

Las plantas se transforman con un vector que comprende la secuencia de interés (es decir, un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3). La secuencia de interés se liga operablemente a una o más secuencias de control (por lo menos con un promotor capaz de conducir preferiblemente la expresión del ácido nucleico en la endosperma

de semillas). Los términos "elemento regulador", "secuencia de control" y "promotor" todos se utilizan intercambiamente aquí y se toman en un amplio contexto para referirse a las secuencias de ácido nucleico reguladoras para afectar la expresión de las secuencias a las que ellas se ligan. Se abarcan por los términos mencionados anteriormente las secuencias reguladoras transcripcionales derivadas de un gen genómico eucariótico clásico (que incluyen el cuadro TATA que se requiere para iniciación de transcripción exacta, con o sin una secuencia de cuadro CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir secuencias activantes en dirección 5', mejoradores y silenciadores) que alteran la expresión de gen en respuesta al estímulo externo y/o desarrollado, o en una forma específica de tejido. También se incluye dentro del término una secuencia reguladora transcripcional de un gen procariótico clásico, en cuyo caso este puede incluir una secuencia de cuadro -35 y/o secuencias reguladoras transcripcionales de cuadro -10. El término "elemento regulador" también abarca una molécula de fusión sintética o derivado que confiere, activa o mejora la expresión de una molécula de ácido nucleico en una célula, tejido u órgano. El término "ligado operablemente" como se utiliza aquí se refiere a un ligado funcional entre la secuencia promotora y el gen de interés, de tal manera que la secuencia promotora es capaz de iniciar la transcripción del gen de interés.

El promotor capaz de expresar preferiblemente el ácido nucleico en la endosperma de semillas es un promotor específico de endosperma. Un promotor específico para endosperma se refiere a un promotor capaz de conducir preferiblemente la expresión del gene de interés en la endosperma. La referencia aquí a incrementar preferiblemente la expresión en la endosperma de semillas se toma que significa incrementar la expresión en la endosperma sustancialmente a la exclusión de la expresión en cualquier parte en la planta, aparte de cualquier expresión residual debido a promotores defectuosos. Por ejemplo, el promotor prolamina muestra la expresión fuerte en la endosperma, con defectuosos en el meristemo, más específicamente el meristemo del brote y/o el centro de discriminación del meristemo.

Preferiblemente, el promotor específico para endosperma es un promotor de proteína de almacenamiento de semilla, más preferiblemente un promotor aislado de un gen prolamina, tal como un promotor de prolamina de arroz RP6 (Wen et al., (1993) Plant Physiol 101(3):1115-6) como se representa por la SEQ ID NO: 3 o un promotor de resistencia similar y/o un promotor con un patrón de expresión similar como el promotor prolamina de arroz. La resistencia similar y/o el patrón de expresión similar se puede analizar, por ejemplo, al acoplar los promotores a un gen indicador y revisar la función del gen indicador en los tejidos de la planta. Un gen indicador bien conocido es beta-glucuronidasa y la cepa colorimétrica GUS utilizada para visualizar la actividad beta-glucuronidasa en el tejido de planta. Debe ser claro que la aplicabilidad de la presente invención no se restringe al ácido nucleico representado por la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48, ni la aplicabilidad de la invención restringe la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 cuando se controla mediante el promotor prolamina. Ejemplos de otros promotores específicos para endosperma que también se pueden utilizar en desarrollar los métodos de la invención se muestran en la Tabla 4 adelante.

Tabla 4: Ejemplos de promotores específicos para endosperma para uso en la presente invención

FUENTE DE GEN	REFERENCIA
Glutelina (arroz)	Takaiwa et al. (1986) Mol Gen Genet 208:15-22 Takaiwa et al. (1987) FEBS Letts. 221:43-47
Zeina	Matzke et al., (1990) Plant Mol Biol 14(3): 323-32
trigo LMW y HMW glutenina-1	Colot et al. (1989) Mol Gen Genet 216:81-90 Anderson et al. (1989) NAR 17:461-2
trigo SPA	Albani et al. (1997) Plant Cell 9:171-184
Gliadinas de trigo	Rafalski et al. (1984) EMBO 3:1409-15
Promotor de cebada ltr1	Diaz et al. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
cebada B1, C, D, hordein	Cho et al. (1999) Theor Appl Genet 98:1253-62 Muller et al. (1993) Plant J 4:343-55 Sorenson et al. (1996) Mol Gen Genet 250:750-60
cebada DOF	Mena et al, (1998) Plant J 116(1): 53-62
blz2	Onate et al. (1999) J Biol Chem 274(14):9175-82

Promotor sintético	Vicente-Carbajosa et al. (1998) Plant J 13:629-640
arroz prolamina NRP33	Wu et al. (1998) Cell plant Physiol 39(8) 885-889
arroz globulina Glb-1	Wu et al. (1998) Cell plant Physiol 39(8) 885-889
arroz globulina REB/OHP-1	Nakase et al. (1997) Plant Molec Biol 33: 513-522
arroz ADP-glucosa PP	Russell et al. (1997) Trans Res 6:157-68
Familia del gen de maíz ESR	Opsahl-Ferstad et al. (1997) Plant J 12:235-46
Sorgo kafirin	DeRose et al. (1996) Plant Molec Biol 32:1029-35

Opcionalmente, una o más secuencias terminadoras también se pueden utilizar en la construcción introducida en una planta. El término "terminador" abarca una secuencia de control que es una secuencia de ADN en el extremo de una unidad transcripcional que señala el procesamiento 3' y la poliadenilación de un transcrito primario y la terminación de la transcripción. Los elementos reguladores adicionales pueden incluir mejoradores transcripcionales así como también mejoradores traduccionales. Aquellos expertos en la técnica tendrán en cuenta las secuencias terminadoras y mejoradoras que pueden ser adecuadas para uso en desarrollar la invención. Tales secuencias se conocerían o se pueden obtener fácilmente por una persona experta en la técnica.

Las construcciones genéticas de la invención pueden incluir adicionalmente un origen de la secuencia de replicación que se requiere para el mantenimiento y/o replicación en un tipo celular específico. Un ejemplo es cuando una construcción genética se requiere para ser mantenida en una célula bacteriana como un elemento genético episómico (por ejemplo molécula de plásmido o cósmido). Los orígenes preferidos de replicación incluyen, pero no se limitan a, el f1-ori y colE1.

La construcción genética puede comprender opcionalmente un gen marcador seleccionable. Como se utiliza aquí, el término "gen marcador seleccionable" incluye cualquier gen que confiere un fenotipo en una célula en la cual este se expresa para facilitar la identificación y/o selección de células que se transfectan o se transforman con una construcción de ácido nucleico de la invención. Los marcadores adecuados se pueden seleccionar de marcadores que confieren resistencia antibiótica o herbicida, que introducen un nuevo rasgo metabólico o que permiten la selección visual. Ejemplos de genes marcadores seleccionables incluyen genes que confieren resistencia a los antibióticos (tal como nptII que fosforila neomicina y canamicina, o hpt, que fosforila higromicina), a los herbicidas (por ejemplo bar que proporciona resistencia a Basta; aroA o gox que proporciona resistencia contra el glifosato), o genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como manA que permite a las plantas utilizar manosa como fuente de carbón única). Los genes marcadores visuales resultan en la formación de color (por ejemplo β -glucuronidasa, GUS), luminiscencia (tal como luciferasa) o fluorescencia (Proteína Fluorescente Verde, GFP, y sus derivados).

La presente invención también abarca plantas (y partes de las mismas) que se pueden obtener mediante los métodos de acuerdo con la presente invención, en donde dichas plantas comprenden una construcción que comprende un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma. La presente invención por lo tanto proporciona plantas que se pueden obtener por el método de acuerdo con la presente invención, cuyas plantas se han transformado con un ácido nucleico que codifica CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma.

La invención también proporciona un método para la producción de plantas transgénicas que tienen producción de semilla incrementada, que comprende transformar una planta con un ácido nucleico que codifica CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma.

Más específicamente, la presente invención proporciona un método para la producción de plantas transgénicas que tienen producción de semilla incrementada, cuyo método comprende:

(i) transformar una planta o célula de planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma; y

(ii) cultivar la célula de planta bajo condiciones que promueven el desarrollo y crecimiento de la planta.

El incremento en la producción de semilla es como se definió anteriormente.

El ácido nucleico se puede introducir directamente dentro de una célula de planta o dentro de la planta en sí misma (que incluye la introducción dentro de un tejido, órgano o cualquier otra parte de una planta). De acuerdo con la presente invención, el ácido nucleico se introduce en una planta mediante transformación.

El término "transformación" como se denomina aquí abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno dentro de una célula anfitriona, independiente del método utilizado para transferencia. El tejido de planta capaz de propagación clónica posterior, mediante organogénia o embriogénia, se puede transformar con una construcción genética de la presente invención y una planta completa regenerada de este. El tejido particular seleccionado variará dependiendo de los sistemas de propagación clónica disponibles para, y mejor adecuados para, las especies particulares a ser transformadas. Los objetivos de tejido de ejemplo incluyen discos de hoja, polen, embriones, cotiledóneas, hipocotiledóneas, megagametofitos, tejido calloso, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristema apical, yemas axilares, y meristemas de raíz), y tejido de meristema inducido (por ejemplo, meristema cotiledóneo y meristema hipocotiledóneo). El polinucleótido se puede introducir transitoriamente o establemente dentro de una célula anfitriona y se puede mantener no integrado, por ejemplo, como un plásmido. Alternativamente, esto se puede integrar dentro del genoma anfitrión. La célula de planta transformada resultante se puede utilizar para regenerar una planta transformada en una forma conocida por las personas expertas en la técnica.

La transformación de especies de planta es ahora una técnica de rutina. Ventajosamente, cualquiera de varios métodos de transformación se puede utilizar para introducir el gene de interés en una célula antecesora adecuada. Los métodos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, químicos que incremental la captación de ADN libre, inyección del ADN directamente dentro de la planta, bombardeo de pistola de partículas, transformación utilizando virus y polen y microproyección. Se pueden seleccionar métodos del método de calcio/polietylenglicol para protoplastos (Krens, F.A. et al., (1982) *Nature* 296, 72-74; Negrutiu I et al. (1987) *Plant Mol Biol* 8: 363-373); electroporación de protoplastos (Shillito R.D. et al. (1985) *Bio/Technol* 3, 1099-1102); microinyección en el material de planta (Crossway A et al., (1986) *Mol. Gen Genet* 202: 179-185); bombardeo de partícula recubierto de ADN o ARN (Klein TM et al., (1987) *Nature* 327: 70) infección con virus (no integradores) y similares. Las plantas de arroz transgénicas que expresan un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen se producen preferiblemente por medio de transformación mediada por *Agrobacterium* utilizando cualquiera de los métodos bien conocidos para la transformación de arroz, tal como se describe en cualquiera de los siguientes: solicitud de patente Europea publicada EP 1198985 A1, Aldemita and Hodges (*Plant* 199: 612-617, 1996); Chan et al. (*Plant Mol Biol* 22 (3): 491-506, 1993), Hiei et al. (*Plant J* 6 (2): 271-282, 1994). En el caso de transformación de maíz, el método preferido es como se describe en Ishida et al. (*Nat. Biotechnol* 14(6): 745-50, 1996) o Frame et al. (*Plant Physiol* 129 (1): 13-22, 2002).

Generalmente después de transformación, las células de planta o grupos de células se seleccionan para la presencia de uno o más marcadores que se codifican por los genes que expresan la planta cotransectados con el gene de interés, luego de lo cual el material transformado se regenera en una planta completa.

Luego de transferencia y regeneración de ADN, las plantas transformadas putativamente se pueden evaluar, por ejemplo utilizando análisis Southern, para la presencia del gen de interés, número de copia y/o organización genómica. Alternativamente o adicionalmente, los niveles de expresión del ADN nuevamente introducido se pueden monitorear utilizando análisis Northern y/o Western, ambas técnicas son bien conocidas por las personas que tienen experticia en la técnica.

Las plantas transformadas generadas se pueden propagar mediante una variedad de medios, tal como mediante propagación clónica o técnicas de siembra clásicas. Por ejemplo, una primera generación (o T1) que transforma la planta en sí misma puede dar los transformantes de segunda generación homocigota (o T2), y las plantas T2 plantas adicionalmente se propagan a través de técnicas de siembra clásicas.

Los organismos transformados generados se pueden tomar de una variedad de formas. Por ejemplo, ellos pueden ser quimeras de células transformadas y células no transformadas; transformantes clónicos (por ejemplo, todas las células transformadas que contienen el casete de expresión); injertos de tejidos transformados y no transformados (por ejemplo, en plantas, un rizoma transformado injertado en un vástago no transformado).

La presente invención se extiende claramente a cualquier célula de planta o planta producida por cualquiera de los métodos descritos aquí, y a todas las partes de la planta y sus propágulos. La presente invención se extiende adicionalmente para abarcar la progenie de una células transfectadas o transformada primaria, tejido, órgano o planta completa que se ha producido mediante cualquiera de los métodos mencionados anteriormente, solo el requerimiento que es la progenie que exhibe las mismas características genotípicas y/o fenotípicas como aquellas producidas por los progenitores en los métodos de acuerdo con la invención. La invención también incluye células anfitrionas que contienen un ácido nucleico aislado que codifica CYCD3. Las células anfitrionas preferidas de acuerdo con la invención son células de plantas. La invención también se extiende a partes cosechables de una planta tal como, pero no limitado a, hojas, frutas, flores, cultivos de tallo, rizomas, tubérculos y bulbos. La invención

se relaciona adicionalmente con productos derivados directamente de una parte cosechable de tal una planta, tal como glóbulos o polvos secos, aceite, ácidos grasos y grasa, almidón o proteínas.

La presente invención también abarca el uso del ácido nucleico que codifica CYCD3 y uso de polipéptidos CYCD3.

5 Un tal uso se relaciona con incrementar la producción de semilla. La producción de semilla es como se definió aquí anteriormente y preferiblemente incluye una o más de los siguientes: número incrementado de flores por panículo, producción de semilla total incrementada, índice de cosecha incrementado y TKW incrementado, cada uno con relación a plantas tipo natural correspondientes.

10 Los ácidos nucleicos que codifican CYCD3 o sus variantes, o los polipéptidos CYCD3 pueden encontrar uso en programas de siembra en los que se identifica un marcador ADN que se puede ligar genéticamente a un gen que codifica CYCD3 o su variante. El ácido nucleico que codifica CYCD3/ genes o sus variantes, o polipéptidos CYCD3 se puede utilizar para definir un marcador molecular. Este ADN o marcador de proteína luego se puede utilizar en programas de siembra para seleccionar plantas que tienen producción de semilla incrementada. El gen que codifica CYCD3 o su variante, por ejemplo, puede ser un ácido nucleico como se representa por la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48.

15 Las variantes alélicas de un ácido nucleico que codifica CYCD3/gen también pueden encontrar uso en programas de siembra asistidos por marcador. Tales programas de siembra algunas veces requieren la introducción de variación alélica mediante tratamiento mutagénico de las plantas, utilizando por ejemplo mutagenia EMS; alternatively, el programa puede iniciar con una colección de variantes alélicas denominadas de origen "natural" originado no intencionalmente. La identificación de variantes alélicas luego toma lugar, por ejemplo, mediante PCR. Esto se sigue
20 mediante una etapa para la selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que da producción de semilla incrementada. La selección se lleva a cabo típicamente al monitorear el desempeño de crecimiento de plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión, por ejemplo, diferentes variantes alélicas de la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 48. El desempeño de crecimiento se puede monitorear en un invernadero o en el campo. Adicionalmente las etapas opcionales incluyen plantas cruzadas, en
25 las que se identifica la variante alélica superior, con otra planta. Esto se puede utilizar, por ejemplo, para hacer una combinación de las características fenotípicas de interés.

Un ácido nucleico que codifica CYCD3 o su variante también se pueden utilizar como sondas para mapear físicamente o genéticamente los genes que son una parte de, y como marcadores para los rasgos ligados a aquellos genes. Tal información puede ser útil en la siembra de plantas con el fin de desarrollar estirpes con fenotipos
30 deseados. Tal uso de ácido nucleico que codifica CYCD3 o sus variantes solo requiere una secuencia de ácido nucleico de por lo menos 15 nucleótidos en longitud. El ácido nucleico que codifica CYCD3 o sus variantes se pueden utilizar como marcadores de polimorfismo de longitud de fragmento de restricción (RFLP). Los Southern blot (Sambrook J, Fritsch EF and Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de ADN genómico de planta digerido de restricción se puede sondear con el ácido nucleico que codifica CYCD3 o sus variantes. Los
35 patrones de banda resultantes luego se pueden someter a análisis genético utilizando programas de computador tal como MapMaker (Lander et al. (1987) Genomics 1: 174-181) con el fin de construir un mapa genético. Adicionalmente, los ácidos nucleicos se pueden utilizar para sondear Southern blot que contienen los ADN genómicos tratados con endonucleasa de restricción de un conjunto de individuos que representan la progenie y el parentesco de un cruce genético definido. La segregación de los polimorfismos de ADN se nota y se utiliza para
40 calcular la posición del ácido nucleico que codifica CYCD3 o si variante en el mapa genético previamente obtenido utilizado esta población (Botstein et al. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

La producción y uso de sondas derivadas de gen de planta para uso en mapeo genético se describe en Bematzky and Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicaciones describen el mapeo genético de clones de cADN específicos utilizando la metodología bosquejada anteriormente o sus variaciones. Por ejemplo, las
45 poblaciones intercruzadas F2, poblaciones retrocruzadas, poblaciones emparejadas aleatoriamente, estirpes isogénicas cercanas (NIL), y otros conjuntos de individuos se puede utilizar para mapeo. Tales metodologías son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica.

Las sondas de ácido nucleico también se pueden utilizar para mapeo físico (es decir, colocación de las secuencias en mapas físicos; ver Hoheisel et al. In: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319-346, y referencias citadas allí).

50 En otra realización, se pueden utilizar sondas de ácido nucleico en mapeo de fluorescencia directa de hibridación in situ (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Aunque los métodos actuales de mapeo FISH favorecen el uso de grandes clones (varios kb a varios cientos kb; ver Laan et al. (1995) Genome Res. 5:13-20), las mejoras en la sensibilidad pueden permitir el desempeño de mapeo FISH utilizando sondas más cortas.

Una variedad de métodos con base en amplificación de ácido nucleico para mapeo genético y físico se pueden llevar a cabo utilizando los ácidos nucleicos. Ejemplos incluyen amplificación específica de alelo (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11:95-96), polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield et al. (1993) Genomics 16:325-332), ligación específica de alelo (Landegren et al. (1988) Science 241:1077-1080), reacciones de extensión de nucleótido (Sokolov (1990) Nucleic acid Res. 18:3671), Mapeo de Híbrido de Radiación (Walter et al. (1997) Nat. Genet. 7:22-28) y Mapeo Happy (Dear y Cook (1989) Nucleic acid Res. 17:6795-6807). Para estos métodos, la secuencia de un ácido nucleico se utiliza para diseñar y producir pares cebadores para uso en la reacción de amplificación o en las reacciones de extensión de cebador. El diseño de tales cebadores es bien conocido por aquellos expertos en la técnica. En los métodos que emplean mapeo genético con base en PCR, es necesario identificar las diferencias de la secuencia de ADN entre los progenitores del mapeo cruzado en la región que corresponde a la secuencia de ácido nucleico actual. Esto, sin embargo, no es generalmente necesario para métodos de mapeo.

Se obtienen incrementos en la producción en los métodos de la invención al transformar una planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma. Sin embargo, tales incrementos de producción de semilla también se pueden obtener mediante otras técnicas bien conocidas, tal como activación T-ADN, TILLING y recombinación homóloga.

La etiqueta de activación T-ADN (Hayashi et al. Science (1992) 1350-1353) que involucra la inserción de T-ADN, contiene usualmente un promotor (también puede ser un mejorador de traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 kb en la dirección 5' o 3' de la región codificante de un gen en una configuración de tal manera que el promotor dirige la expresión del gen objetivo. Típicamente, se interrumpe la regulación de la expresión del gen objetivo mediante su promotor natural y el gen cae bajo el control del promotor nuevamente formado. El promotor se embebe típicamente en un T-ADN. Este T-ADN se inserta aleatoriamente en el genoma de planta, por ejemplo, a través de la infección de *Agrobacterium* y conduce a la sobreexpresión de genes cerca al T-ADN insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debido a la sobreexpresión de genes cerrado en el promotor introducido. El promotor a ser introducido puede ser cualquier promotor específico para endosperma.

La técnica de TILLING (Lesiones Locales Inducidas por Objetivo En Genomas) también se puede utilizar para reproducir los efectos de desarrollar los métodos de la invención. El TILLING es una tecnología de mutagenia útil para generar y/o identificar, y para eventualmente aislar un ácido nucleico que codifica CYCD3 con expresión y/o actividad modificada. El TILLING también permite la selección de plantas que llevan tales variantes mutantes. Estas variantes mutantes pueden exhibir expresión modificada, en resistencia o en ubicación o en tiempo (si las mutaciones afectan el promotor, por ejemplo). El TILLING combina mutagenia de alta densidad con métodos de detección de alto rendimiento. Las etapas típicamente seguidas en TILLING son: (a) mutagenia EMS (Redei GP and Koncz C (1992) In Methods in Arabidopsis Research, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, pp. 16-82; Feldmann et al., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp 137-172; Lightner J y Caspar T (1998) In J Martinez- Zapater, J Salinas, eds, Methods on Molecular Biology, Vol. 82. Human Press, Totowa, NJ, pp 91-104); (b) preparación de ADN y agrupamiento de individuos; (c) amplificación de PCR de una región de interés; (d) desnaturalización e hibridación para permitir la formación de heterodúplex; (e) DHPLC, en donde la presencia de un heterodúplex en un grupo se detecta como un pico extra en el cromatograma; (f) identificación del mutante individual; y (g) secuenciamiento del producto PCR mutante. Los métodos para TILLING son bien conocidos en la técnica (McCallum et al., (2000) Nat Biotechnol 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) Nat Rev Genet 5(2): 145-50). Las plantas que llevan tales variantes mutantes tienen expresión preferiblemente incrementada de un gen que codifica CYCD3 en la endosperma.

La activación de T-ADN y TILLING son ejemplos de tecnologías que permite la generación de las modificaciones genéticas (preferiblemente en el locus de un gen que codifica un polipéptido CYCD3) que da expresión preferiblemente incrementada de un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 en la endosperma de las plantas. El locus de un gen se define aquí como una región genómica, que incluye el gen de interés y 10 kb corriente arriba y corriente debajo de la región codificante.

La recombinación homóloga permite la introducción en un genoma de un ácido nucleico seleccionado en una posición seleccionada definida. La recombinación homóloga es una tecnología estándar utilizada rutinariamente en ciencias biológicas para organismos inferiores tal como levadura o el musgo *Physcomitrella*. Los métodos para desarrollar la recombinación homóloga en las plantas se ha descrito no solo para plantas modelo (Offringa et al. (1990) EMBO J 9(10): 3077-84) sino también para plantas de cultivo, por ejemplo arroz (Terada et al. (2002) Nat Biotech 20(10): 1030-4; Lida and Terada (2004) Curr Opin Biotech 15(2): 132-8). El ácido nucleico (que puede ser un ácido nucleico que codifica CYCD3 o su variante como se definió aquí anteriormente) se objetiva en el locus de un gen CYCD3. El ácido nucleico a ser objetivado puede ser un alelo mejorado utilizado para reemplazar el gen endógeno o se puede introducir en adición al gen endógeno. El ácido nucleico a ser objetivado es preferiblemente la región que controla la expresión natural de un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3 en una planta. Un

promotor específico para endosperma se introduce dentro de esta región, en adición a este, o reemplazándolo parcialmente o sustancialmente todo de este.

Todos los métodos de acuerdo con la presente invención resultan en plantas que tienen producción de semilla incrementada, como se describió aquí anteriormente. Estos rasgos útiles también se pueden combinar con otros rasgos económicamente ventajosos, tal como adicionalmente rasgos de mejoramiento de la producción, tolerancia a varias tensiones, rasgos que modifican varias características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

Descripción de las figuras

La presente invención ahora se describirá con referencia a las siguientes figuras en las que:

Figura 1 es una alineación de polipéptido múltiple preparada utilizando ClustalW y valores predeterminados, seguido por la computación del árbol de distancia promedio. Se muestra el grupo polipéptido CYCD3.

Figura 2 es una alineación de las secuencias de proteína CYCD de planta conocidas. Las secuencias se alinean utilizando el programa AlignX del Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). Se hace alineación múltiple con una penalidad de abertura de espacio 10 y una extensión de espacio de 0.01. También se lleva a cabo la edición de manual menor donde sea necesario para posicionar mejor algunas regiones conservadas. La línea mostrada indica la separación de los polipéptidos CYCD3 de otras ciclinas tipo D. Se colocan en cajas un número de motivos específicos para los polipéptidos CYCD3.

Figura 3 es una matriz de similitud/identidad preparada utilizando MatGAT (Matrix Global Alignment Tool) que calcula la similitud e identidad entre cada par de las secuencias de polipéptido en un conjunto de datos dado sin requerir prealineación de los datos. El programa desarrolla una serie de alineaciones en forma de par utilizando el algoritmo de alineación global Myers y Miller (con una penalidad de abertura espacio de 12, y una penalidad de extensión de espacio de 2). Este luego calcula la similitud e identidad utilizando, por ejemplo, Blossum 60 como la matriz de clasificación, y luego coloca los resultados en una matriz de distancia. La similitud de la secuencia se muestra en la mitad de fondo de la línea divisora y la identidad de secuencia se muestra en la mitad superior de la línea divisora. La secuencia de la SEQ ID NO: 2 se indica como el número 5 en la matriz. Las secuencias de polipéptido que tienen por lo menos 30% de identidad de secuencia para la secuencia de la SEQ ID NO: 2 abarca los polipéptidos CYCD3.

Figura 4 es un vector binario para la expresión en *Oryza sativa* del gen *Arabidopsis thaliana* CycD3;3 bajo el control del promotor prolamina.

Figura 5 detalla ejemplos de las secuencias útiles en desarrollar los métodos de acuerdo con la presente invención.

Figura 6 es una alineación solo de las secuencias de proteína CYCD3 de planta. Las secuencias se alinean utilizando el programa AlignX del Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). Se hace alineación múltiple con una penalidad de abertura espacio de 10 y una extensión de espacio de 0.01. También se lleva a cabo la edición de manual menor donde sea necesario para posicionar mejor algunas regiones conservadas. En adición al cuadro de ciclina (marcado como 'X' por debajo de la secuencia consensus (Interpro ref: IPR006670)) y el motivo LxCxE dentro de los primeros 40 o aminoácidos, se identifica un número de motivos específicos para los polipéptidos CYCD3.

Ejemplos

La presente invención ahora se describirá con referencia a los siguientes ejemplos, que son solo por vía de ilustración.

Manipulación de ADN: a menos que se indique otra cosa, se desarrollan técnicas de ADN recombinante de acuerdo con los protocolos estándar descritos en (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ra Edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) o en los Volúmenes 1 y 2 de Ausubel et al. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Los materiales estándar y métodos para trabajo molecular de plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfase (1993) by R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (UK) y Blackwell Scientific Publications (UK).

Ejemplo 1: Clonación de Gen

Se amplifica *Arabidopsis* CycD3;3 mediante PCR utilizando como plantilla colección de cADN de siembra *Arabidopsis thaliana* (Invitrogen, Paisley, UK). Después de transcripción inversa de ARN se extrae de semillas, los cADN se clonan en pCMV Sport 6.0. El tamaño de inserto promedio del banco es 1.5 kb y el número original de

clones es de 1.59×10^7 cfu. Se determina que el título original es 9.6×10^5 cfu/ml después de la primera amplificación de 6×10^{11} cfu/ml. Después de la extracción de plásmido, se utiliza 200 ng de plantilla en una mezcla de 50 µl de PCR. Los cebadores prm0360 (codón de inicio, codificante en negrilla, sitio AttB1 en cursiva: 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTTCACAATGGCTTTAGAAGAGG AGGA 3') y prm0361 (cordón de parada, complementario, inverso en negrilla, sitio AttB2 en cursiva: 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTAGCGAGGACTACTACTAAGCA 3'), que incluye los sitios AttB para recombinación Gateway, se utilizan para amplificación PCR. El PCR se desarrolla utilizando una polimerasa de Etiqueta de ADN Hifi en condiciones estándar. Un fragmento PCR de 1086 bp se amplifica y se purifica también utilizando métodos estándar. La primera etapa del procedimiento Gateway, la reacción BP, luego se desarrolla, durante lo cual el fragmento PCR se recombina in vivo con el plásmido pDONR201 para producir, de acuerdo con la terminología Gateway, un "clon de entrada", p0443. El plásmido pDONR201 se compra de Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.

Para la secuencia modificada de la SEQ ID NO: 48/49, el cebador inverso es: 5' GGGGACCAC77TGTACAAGAAAGCTGGGTTAGCGAGGACTACTATAAGCA 3').

Ejemplo 2: Vector de Construcción

El clon de entrada p0443 se utiliza posteriormente en una reacción LR con p0830, un vector de destino utilizado para la transformación de *Oryza sativa*. Este vector contiene como elementos funcionales dentro de los límites T-ADN: un marcador seleccionable de planta; un marcador detectable de planta, y un casete Gateway destinado para recombinación LR in vivo con la secuencia de interés ya clonada en el clon de entrada. Un promotor prolamina para expresión específica de endosperma (PRO0090; SEQ ID NO: 3) se ubica en dirección 5' de este casete Gateway.

Después de la etapa de recombinación LR, el vector de expresión resultante (ver Figura 4) se transforma en la cepa *Agrobacterium* LBA4404 y posteriormente en plantas *Oryza sativa*. El vector de expresión resultante como se muestra en la Figura 4 se transforma en *Agrobacterium* y posteriormente en plantas *Oryza sativa*. A las plantas de arroz transformadas se les permite crecer y luego se examinan para los parámetros descritos en el Ejemplo 3.

Ejemplo 3: Evaluación y Resultados

Se generan aproximadamente 15 a 20 transformantes de arroz T0 independientes. Los transformantes primarios se transfieren de las cámaras de cultivo de tejido en un invernadero para hacer crecer y cosechar la semilla T1. Se retienen seis eventos, de los cuales la progenie T1 segrega 3:1 para la presencia/ausencia del transgen. Para cada uno de estos eventos, se seleccionan aproximadamente 10 semillas T1 que contienen el transgen (hetero- y homozigotos), y aproximadamente 10 semillas T1 que carecen del transgen (nulizigotos), al monitorear la expresión del marcador visual. Las plantas transgénicas y los nulizigotos correspondientes se hacen crecer lado a lado en las posiciones aleatorias. De la etapa de siembra hasta la etapa de madurez las plantas se pasan varias veces a través de una cabina de formación de imágenes digital. En cada punto de tiempo las imágenes digitales (2048x1536 píxeles, 16 millón de colores) se toman de cada planta desde por lo menos 6 diferentes ángulos. Adicionalmente se evalúan cinco eventos T1 en la generación T2 siguiendo el mismo procedimiento de evaluación para la generación de T1 pero con más individuos por evento.

Análisis estadístico: prueba t y prueba F

Se utiliza un ANOVA de dos factores (análisis de variantes) como un modelo estadístico para la evaluación general de las características fenotípicas de planta. Se lleva a cabo una prueba F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los eventos transformados con el gen la presente invención. La prueba F se lleva a cabo para revisar un efecto gen gen durante todos los eventos de transformación y para verificar un efecto general del gen, también conocido como un efecto de gen global. El umbral para significancia de un efecto de gen global verdadero se establece en un nivel de probabilidad de 5% para la prueba F. Los puntos de valor de prueba F significativos para un efecto de gen, significa que no solo la presencia o posición del gen origina las diferencias en el fenotipo.

Para la revisión de un efecto de los genes dentro del evento, es decir, para un efecto específico de estirpe, se desarrolla una prueba t dentro de cada evento utilizado conjuntos de datos de las plantas transgénicas y las plantas nulas correspondientes. "Plantas nulas" o "segregantes nulos" o "nulizigotos" son las plantas tratadas en la misma forma como la planta transgénica, pero de la cual se ha segregado el transgen. Las plantas nulas también se pueden describir como las plantas transformadas negativas homocigotas. El umbral para la significancia de la prueba t se establece en un nivel de probabilidad de 10%. Los resultados para algunos eventos pueden estar por encima o por debajo de este umbral. Esto se basa en la hipótesis que un gen solo puede tener un efecto en ciertas posiciones en el genoma, y que la ocurrencia de este efecto dependiente de la posición no es rara. Este tipo de efecto de gen también se nombra aquí "efecto de estirpe del gen". El valor p se obtiene al comparar el valor t con la distribución t o alternativamente, al comparar el valor F con la distribución F. El valor p luego da la probabilidad que la hipótesis nula (es decir, no existe efecto del transgen) sea correcta.

3.1 Medición del parámetro relacionado con semilla

Las panículas primarias maduras se cosechan, se embolsan, se marcan con códigos de barras y luego se secan durante tres días en el horno a 37°C. Luego se trillan las panículas y se recolectan y se cuentan todas las semillas. Las cáscaras llenas se separan de las vacías utilizando un dispositivo para soplar aire. Las cáscaras vacías se desechan y la fracción restante se cuenta de nuevo. Las cáscaras llenas se pesan en una balanza analítica. Este procedimiento resulta en el conjunto de parámetros relacionados con semillas descritos adelante.

3.1.1 Número total de flores por panículo

El número total de flores por panículo como se define en la presente invención es la relación entre el número total de semillas y el número de panículas primarias maduras. La diferencia de porcentaje entre los dos eventos transgénicos significativos y sus nulizigotos correspondientes en T2 se muestra en la Tabla 5. También se muestra el valor P de los eventos significativos en la evaluación T2. Un valor P significativo indica que la presencia del transgen se relaciona con el incremento en el número total de flores por panículo.

Tabla 5: Número total de flores por panículo

	% de incremento en T2	Valor P por evento
Evento significativo 1	13	0.0286
Evento significativo 2	22	0.0007

3.1.2 Producción total de semilla

La producción total de semilla se mide al pesar todas las cáscaras llenas cosechadas de una planta. El porcentaje de diferencia entre tres eventos transgénicos significativos y sus nulizigotos correspondientes en T2 se muestra en la Tabla 6. También se muestra el valor P de los eventos significativos en la evaluación T2. Un valor P significativo indica que la presencia del transgen se relaciona con el incremento en la producción total de semilla.

Tabla 6: producción de semilla total

	% de incremento en T2	Valor P por evento
Evento significativo 1	31	0.1306
Evento significativo 2	36	0.0826
Evento significativo 3	37	0.0005

El TKW en la presente invención se extrapola del número de semillas llenas contadas y su peso total. La diferencia de porcentaje entre tres eventos transgénicos significativos y sus nulizigotos correspondientes en T2 se muestra en la Tabla 7. También se muestra el valor P de los eventos significativos en la evaluación T2. Un valor P significativo indica que la presencia del transgen se relaciona con el incremento en TKW.

Tabla 7: TKW

	% de incremento en T2	Valor P por evento
Evento significativo 1	6	0.0006
Evento significativo 2	5	0.0009
Evento significativo 3	4	0.0165

3.1.4 Índice de cosecha de plantas

5 El índice de cosecha de la presente invención se define como la relación entre la producción total de semilla y el área por encima de la tierra (mm^2), multiplicado por un factor 108. El porcentaje de diferencia entre los tres eventos transgénicos significativos y sus nulizigotos correspondientes en T2 se muestra en la Tabla 8. También se muestra el valor P de los eventos significativos en la evaluación T2. Un valor P significativo indica que la presencia del transgen se relaciona con el incremento en el índice de cosecha.

Tabla 8: Índice de cosecha

	% de incremento en T2	Valor P por evento
Evento significativo 1	30	0.0324
Evento significativo 2	49	0.0014
Evento significativo 3	15	0.0727

Ejemplo 4: Datos comparativos pOleosina:ciclina D3;3

10 Las plantas que contienen la construcción anterior se producen y se evalúan utilizando los mismos procedimientos como se describió anteriormente para pProlamina:ciclina D3;3. Los resultados de la evaluación T1 se muestran en las Tablas 9 a 11 adelante. En cada una de las tablas se muestra el porcentaje de diferencia entre las plantas transgénicas y los nulizigotos correspondientes. También se muestra el valor P de la prueba F.

Tabla 9: Área por encima de la tierra

Área por encima de la tierra		
	% de diferencia	Valor P
T1 general	-12	0.0083

15 El valor P de la prueba F indica significativamente que la expresión del transgen conducida por su promotor reduce significativamente el área por encima de la tierra.

Tabla 10: Peso de semilla total

Peso de semilla total		
	% de diferencia	Valor P
T1 general	-15	0.0858

20 Los resultados muestran que el peso total de las semillas de las plantas transgénicas es menor que el peso de semilla total de los nulizigotos correspondientes.

Tabla 11: Número de Semillas Llenas

Número de Semillas Llenas		
	% de diferencia	Valor P
T1 general	-17	0.0572

Los resultados muestran que el número de semillas llenas de las plantas transgénicas es menor que el número de semillas llenas de los nulizigotos correspondientes.

5 LISTADO DE SECUENCIAS

<110> CropDesign N.V.

<120> Plantas que tienen producción incrementada y un método para elaborar las mismas

<130> CD-130-PCT

<150> EP 05102444.6

10 <151> 2005-03-25

<150> US 60/668,076

<151> 2005-04-05

<160> 71

<170> PatentIn version 3.3

15 <210> 1

<211> 1086

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 1

atggccttag	aagaggagga	agagagtcaa	aacgcaccgt	tttgtgttct	tgatggtcct	60
ttctgtgagg	aagagagtga	gtttcacgaa	caagtagatt	tgtgcgacga	gagtgttgaa	120
aagtttcctt	ttttaaatct	gggtttgtct	gatcatgata	tgttggtgga	tgatgatgag	180
ttatcaactt	tgatttcgaa	acaagaaccg	tgtctttatg	acgaaatctt	agatgatgag	240
tttctgggtt	tgtgtcgtga	aaaggctctt	gattggattt	ttaaagtga	atctcattat	300
gggtttaatt	cattgacggc	tcttttagct	gttaattact	tcgatagggt	tattacaagc	360
aggaagtffc	agacagataa	gccatggatg	tctcagctta	ctgctttggc	ttgtctgtct	420
ttagctgcta	aggttgaaga	gatccgtgtt	ccttttctct	tagattttca	agtggaagaa	480
gcaagatatg	tctttgaagc	taagactata	cagagaatgg	agcttcttgt	tctgtctact	540
cttgactgga	ggatgcatcc	tgtgactcca	atctcgtttt	tcgatcacat	tattcgacga	600
tacagcttta	aatctcatca	tcaattggag	ttcttgagta	gatgtgaatc	tttattactc	660
tccattattc	ctgattcgag	atttctgagt	tttagtcctt	ctgtgttagc	cactgcaata	720
atggtctctg	ttattagaga	tttgaagatg	tgtgacgaag	ctgtatacca	atctcagctc	780
atgactctac	tcaaagttga	ttcggagaag	gtaaataaat	gctatgagtt	agtgttagac	840
cacagtccaa	gcaagaaaag	gatgatgaat	tggatgcaac	aaccgcctag	tccgatcggg	900
gtgtttgatg	cgtcattcag	ttctgatagc	tcgaatgagt	cgtgggttgt	gtctgcttct	960
gcttcagtgt	cgtcttcacc	atcttcagag	cctttgctca	agaggagaag	agtgcgaagag	1020
cagcagatga	ggctatcttc	aataaaccga	atgtttttcg	atgtgcttag	tagtagtcct	1080
cgctaa						1086

<210> 2

<211> 361

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

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

Asp Leu Cys Asp Glu Ser Val Glu Lys Phe Pro Phe Leu Asn Leu Gly
 35 40 45
 Leu Ser Asp His Asp Met Leu Trp Asp Asp Asp Glu Leu Ser Thr Leu
 50 55 60
 Ile Ser Lys Gln Glu Pro Cys Leu Tyr Asp Glu Ile Leu Asp Asp Glu
 65 70 75 80
 Phe Leu Val Leu Cys Arg Glu Lys Ala Leu Asp Trp Ile Phe Lys Val
 85 90 95
 Lys Ser His Tyr Gly Phe Asn Ser Leu Thr Ala Leu Leu Ala Val Asn
 100 105 110
 Tyr Phe Asp Arg Phe Ile Thr Ser Arg Lys Phe Gln Thr Asp Lys Pro
 115 120 125
 Trp Met Ser Gln Leu Thr Ala Leu Ala Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys
 130 135 140
 Val Glu Glu Ile Arg Val Pro Phe Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu Glu
 145 150 155 160
 Ala Arg Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu
 165 170 175
 Val Leu Ser Thr Leu Asp Trp Arg Met His Pro Val Thr Pro Ile Ser
 180 185 190
 Phe Phe Asp His Ile Ile Arg Arg Tyr Ser Phe Lys Ser His His Gln
 195 200 205
 Leu Glu Phe Leu Ser Arg Cys Glu Ser Leu Leu Leu Ser Ile Ile Pro
 210 215 220
 Asp Ser Arg Phe Leu Ser Phe Ser Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Ile
 225 230 235 240
 Met Val Ser Val Ile Arg Asp Leu Lys Met Cys Asp Glu Ala Val Tyr
 245 250 255
 Gln Ser Gln Leu Met Thr Leu Leu Lys Val Asp Ser Glu Lys Val Asn
 260 265 270
 Lys Cys Tyr Glu Leu Val Leu Asp His Ser Pro Ser Lys Lys Arg Met
 275 280 285
 Met Asn Trp Met Gln Gln Pro Ala Ser Pro Ile Gly Val Phe Asp Ala
 290 295 300
 Ser Phe Ser Ser Asp Ser Ser Asn Glu Ser Trp Val Val Ser Ala Ser
 305 310 315 320
 Ala Ser Val Ser Ser Ser Pro Ser Ser Glu Pro Leu Leu Lys Arg Arg
 325 330 335
 Arg Val Gln Glu Gln Gln Met Arg Leu Ser Ser Ile Asn Arg Met Phe
 340 345 350
 Phe Asp Val Leu Ser Ser Ser Pro Arg
 355 360

<210> 3

<211> 654

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<400> 3

```

cttctacatc ggcttaggtg tagcaacacg actttattat tattattatt attattatta 60
ttattttaca aaaatataaa atagatcagt ccctcaccac aagtagagca agttggtgag 120
ttattgtaaa gttctacaaa gctaatttaa aagttattgc attaacttat ttcattattac 180
aaacaagagt gtcaatggaa caatgaaaac catatgacat actataattt tgtttttatt 240
attgaaatta tataattcaa agagaataaa tccacatagc cgtaaagttc tacatgtggt 300

```

```

gcattaccaa aatatatata gcttacaaaa catgacaagc ttagtttgaa aaattgcaat 360
ccttatcaca ttgacacata aagttagtga tgagtcataa tattattttc tttgctaccc 420
atcatgtata tatgatagcc acaaagttac tttgatgatg atatcaaaga acatttttag 480
gtgcacctaa cagaatatcc aaataatatg actcacttag atcataatag agcatcaagt 540
aaaactaaca ctctaaagca accgatggga aagcatctat aaatagacaa gcacaatgaa 600
aatcctcatc atccttcacc acaattcaaa tattatagtt gaagcatagt agta 654

```

<210> 4

<211> 54

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador: prm0360

<400> 4

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt cacaatggct ttagaagagg agga 54

10 <210> 5

<211> 51

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> cebador: prm0361

<400> 5

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt tagcgaggac tactataagc a 51

<210> 6

<211> 1140

20 <212> ADN

<213> Antirrhinum majus

<400> 6

gagagaagag	atgggtcaaa	gctcaactct	aggcctctct	ttcttcacac	ctttgtttga	60
cttagaatga	aatgaatgca	gcttcacaca	actctcttct	cctcagaaga	tgtatcaaca	120
aaactctcca	tcactctggt	ttgatgctct	gtactgtgag	gaagaacaaa	actgggacaa	180
tgggtgaaatc	atcaatgact	gtttcattga	agaacaagaa	cccttttctg	atttattgaa	240
acatgatttg	ttatgtggtg	tagatgatga	tgatgatgat	aaagaagagc	ttagctcttt	300
attgtgtaaa	gagcaggaat	atgaactgta	cagagtcctt	gaggacaatc	catctctagc	360
aaaagctaga	gatgaggctg	ttgaatggat	gtttaaggtc	attgggtact	attctttttc	420
tgctctcact	gcggttcttg	cagttaacta	tttggataga	tttctatgca	catttcagtt	480
tcaacaagat	aagccatgga	tgtatcagtt	ggctgctgtg	gcttgtctct	ctttggctgc	540
taaagttgaa	gaaactcaag	tccctcttct	gttagacctt	caagttgagg	aatctaagta	600
tgtgtttgag	tcaaaaacca	ttcaaagaat	ggagcttttg	gtgctttcaa	cacttaaatg	660
gaagatgaat	ccagtcaccc	caatttcatt	ccttgagtac	attgctagga	ggctagcatt	720
gaagagccat	ctttgtaaag	agttcctcaa	cagatgtgaa	tgcctccttt	tgtcccttat	780
taccgattgt	agattcatgt	gccatcttcc	atctgcattg	gccactgcaa	cgatgctgta	840
tgttataagc	agcttagagc	cctgcattgg	tgtggagtac	caagatcaac	tcatcaacat	900
tcttggaatc	aacaaggaca	aagtggagga	atgttgtaag	ttaatacaag	aagtggccac	960
aagtgttcat	tttcaatcag	gcaacaaaag	aaagtttgga	tctttgcctt	atagccccaa	1020
aggggtagtg	gacatctcat	tcagttgtga	tgattcatgg	ccgttggatt	caactgcac	1080
agtttcttcc	tcaccagagc	atttgtccaa	gaaaatcaag	acccaaaatc	cagaccatga	1140

<210> 7

<211> 343

<212> PRT

5 <213> Antirrhinum majus

<400> 7

```

Met Tyr Gln Gln Asn Ser Pro Ser Leu Cys Phe Asp Ala Leu Tyr Cys
1      5      10      15
Glu Glu Glu Gln Asn Trp Asp Asn Gly Glu Ile Ile Asn Asp Cys Phe
20      25      30
Ile Glu Glu Gln Glu Pro Phe Ser Asp Leu Leu Lys His Asp Leu Leu
35      40      45
Cys Gly Val Asp Asp Asp Asp Asp Lys Glu Glu Leu Ser Ser Leu
50      55      60
Leu Cys Lys Glu Gln Glu Tyr Glu Leu Tyr Arg Val Leu Glu Asp Asn
65      70      75      80
Pro Ser Leu Ala Lys Ala Arg Asp Glu Ala Val Glu Trp Met Phe Lys
85      90      95
Val Ile Gly Tyr Ser Phe Ser Ala Leu Thr Ala Val Leu Ala Val
100     105     110
Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu Cys Thr Phe Gln Phe Gln Gln Asp Lys
115     120     125
Pro Trp Met Tyr Gln Leu Ala Val Ala Cys Leu Ser Leu Ala Ala
130     135     140
Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Glu
145     150     155     160
Glu Ser Lys Tyr Val Phe Glu Ser Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu
165     170     175
Leu Val Leu Ser Thr Leu Lys Trp Lys Met Asn Pro Val Thr Pro Ile
180     185     190
Ser Phe Leu Glu Tyr Ile Ala Arg Arg Leu Ala Leu Lys Ser His Leu
195     200     205
Cys Lys Glu Phe Leu Asn Arg Cys Glu Cys Leu Leu Leu Ser Leu Ile
210     215     220
Thr Asp Cys Arg Phe Met Cys His Leu Pro Ser Ala Leu Ala Thr Ala
225     230     235     240
Thr Met Leu Tyr Val Ile Ser Ser Leu Glu Pro Cys Ile Gly Val Glu
245     250     255
Tyr Gln Asp Gln Leu Ile Asn Ile Leu Gly Ile Asn Lys Asp Lys Val
260     265     270
Glu Glu Cys Cys Lys Leu Ile Gln Glu Val Ala Thr Ser Val His Phe
275     280     285
Gln Ser Gly Asn Lys Arg Lys Phe Gly Ser Leu Pro Tyr Ser Pro Lys
290     295     300
Gly Val Val Asp Ile Ser Phe Ser Cys Asp Asp Ser Trp Pro Leu Asp
305     310     315     320
Ser Thr Ala Ser Val Ser Ser Ser Pro Glu His Leu Ser Lys Lys Ile
325     330     335
Lys Thr Gln Asn Pro Asp His
340

```

<210> 8

<211> 1451

<212> ADN

5 <213> Antirrhinum majus

<400> 8

```

taaaaaaaag cgtaaaatta aacagaaaaa aatatgatat taagcccaag attcaatctt 60
ttgagctttt cttaaagata atgagcagag cccctgtat cttcttctcc gaagaagatg 120
ttgttttcac attctcaaca aacccatctc caaaatccaa tctttgatgc tcttctctgt 180
aacgaggagc atttcgatga agatttggat cttgggtccg ggttaaaaga cccgggtttt 240
ataaatcaga ttcatcataa tcaaaaaaaa gaagaaccat ttactacttt tctgtttgag 300
cacgaccttt tgtgggaaga tgacgagctt gttaatctct tgtctaagga gaaagaacaa 360
gaacaacaag cccatttggg gtacgatgat gtaatggact ctgatgggtt tttgaaaagg 420
gtgagaaaatg aagggattaa gtggatgttg aagggtattg gacactatgg gttcaatgcg 480
atgactgctg ttttagctgt gaattattat gatagattta ttacaaacgt tgggtttcaa 540
aaggataagc cttggatgag tcaattggct gctgttgctt gtctttctgt aaaagtggag 600
gagactcaag tgccctctgt gctggatttt caagtagagg aatcaaagta tgtgtttgag 660
gcaaagacta tacagaggat ggagcttttg gtgctcacta ctttgaaatg gaagatgaac 720
cctgtgacgc ctatctcgtt ctttgaccac attgtgagga ggtttgagtt gatgaacaat 780
gtgcaatgcg agtttatgaa gaggtgtgag agtgtcattc tctccatcat caccgattat 840
cgatttgtgc gctatcttcc ttctgttgtt gctgctgcaa ccatgatata tgtaatcaaa 900
gagctttatc cttgtgatgc attggaatac cagaatgagt ttgtgactgt gctgagaact 960
agcaaggaaa agactgatga ttgccatag ctaatcactg aagtaatcaa caatcaaagc 1020
tacatccttt gtcacaagcg caagtacggt tccataccaa gcagtccaaa tgggtgtgatc 1080
gatgcctatt tcagctctga tggctctaac gattcgtggt cagcagtgtc atccgtttca 1140
tcatcaccag agcccggtgt taagagaatc agagccattg ggggggctaa tcctcctcat 1200
tgaactcatt tcttatttta tctgataatt agcaacggta cttcataatc gctcttttgc 1260
tatggttttt tccgtcataa gacgatgcag ttatgttaca tttctgttat atcttgctgt 1320
gatggatcag acatgtttta acagacaatt gactcttacc acctctttga ttgagggatg 1380
gagagccaaa gggattatgt gagtttttgt tcctggagta aaatcgatga acttttagta 1440
ttaatgaaaa a

```

<210> 9

<211> 361

<212> PRT

5 <213> Antirrhinum majus

<400> 9

```

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

```

```

Pro Trp Met Ser Gln Leu Ala Ala Val Ala Cys Leu Ser Val Lys Val
145                      150                      155                      160
Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu Glu Ser
                      165                      170                      175
Lys Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val
                      180                      185                      190
Leu Thr Thr Leu Lys Trp Lys Met Asn Pro Val Thr Pro Ile Ser Phe
                      195                      200                      205
Phe Asp His Ile Val Arg Arg Phe Glu Leu Met Asn Asn Val Gln Cys
                      210                      215                      220
Glu Phe Met Lys Arg Cys Glu Ser Val Ile Leu Ser Ile Ile Thr Asp
225                      230                      235                      240
Tyr Arg Phe Val Arg Tyr Leu Pro Ser Val Val Ala Ala Ala Thr Met
                      245                      250                      255
Ile Tyr Val Ile Lys Glu Leu Tyr Pro Cys Asp Ala Leu Glu Tyr Gln
                      260                      265                      270
Asn Glu Phe Val Thr Val Leu Arg Thr Ser Lys Glu Lys Thr Asp Asp
                      275                      280                      285
Cys His Met Leu Ile Thr Glu Val Ile Asn Asn Gln Ser Tyr Ile Leu
                      290                      295                      300
Cys His Lys Arg Lys Tyr Gly Ser Ile Pro Ser Ser Pro Asn Gly Val
305                      310                      315                      320
Ile Asp Ala Tyr Phe Ser Ser Asp Gly Ser Asn Asp Ser Trp Ser Ala
                      325                      330                      335
Val Ser Ser Val Ser Ser Ser Pro Glu Pro Val Phe Lys Arg Ile Arg
                      340                      345                      350
Ala Ile Gly Gly Ala Asn Pro Pro His
                      355                      360

```

<210> 10

<211> 1646

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 10

```

atcactctcc gaaacccact tccagctttt tctctctctt ttctctctct agtctctctt 60
ttgtagctct cccctgctaa gctaaccact gcacgtttcc atagagagga aagatgagtc 120
tctctccgag agattttctc tctatcatct tatcttcttc cgtgtaatgc tctgagccaa 180
aaccacaataa ctaaatacaac aacaatatag aagagaagag aaagatctta tctttcttct 240
cattcttgag ttttagtcccc cacaaatggcg attcggaaagg aggaagaaag tagagaagaa 300
cagagcaatt cgtttcttct tgatgctctc tactgccaag aagagaaatg ggacgatgaa 360
ggagaagaag ttgaagaaaa ctcttccttg tcttcttctt cttctccatt cgttggtttg 420
caacaagatt tgttctggga agatgaagat ctggttacac tcttctccaa agaagaagaa 480
caaggactca gctgtctcga tgatgtttat ctttccacgg atcgaaaaga agctgttggt 540
tggattctga gagtcaacgc tcattatggc ttctctactt tagcagctgt tttagccata 600
acttatctcg ataagttcat ctgtagctac agcttacaga gagacaaacc atggatgctt 660
cagctcgttt ctgtcgcgtg tctctcatta gctgctaaag tcgaagaaac ccaagtccct 720
cttcttctag actttcaagt ggaggagaca aagtatgtgt ttgaagcaaa aaccatacag 780
agaatggagc tactgattct gtctactctc agtggaaga tgcatctcat tactccaatt 840
tcgttcgtag accacattat caggagattg ggacttaaga acaatgctca ctgggatttc 900
ctcaacaaat gccaccgtct cctcctctct gtaatctccg attcaagatt tgtcgggtac 960
ctcccatcag tagttgccgc agctaccatg atgcgaatta tagagcaagt tgatcccttt 1020
gaccctcttt catacacaac taatctcctc ggtgtcctta acttaaccaa ggaaaagggtg 1080
aaaacttgct acgatctaata cctccaacta ccagtggacc gcatcggttt acagatccaa 1140

```

```

atccaatctt ccaagaaacg caagagtcac gattcatcat catcgttgaa cagtccaagc 1200
tgcgtgattg atgcaaacc tttcaatagc gacgaaagct caaacgattc gtggtcagcg 1260
agttcgtgca acccaccac gtcgtcgtcg tccccgcagc aacaacctcc attgaagaag 1320
atgagaggag ctgaagagaa tgagaagaag aagccgattt tgcattctgcc atgggcaatc 1380
gtagccactc cataatcgaa agctcgattt cgtttatatg atatttactg tttttttaa 1440
ctttgagaac aatctttgtt gtattaagct ttaccggtt gcatatacga aatgtcgcg 1500
atgcccttac gtgccatggc ttgatagagt taatgggtaa aggggtattca tgacatttga 1560
ctgcatggga tgtgacgaag gagagaatta gaaataataa taataatatt gcgtaaattt 1620
tgaggcttgc ccaatctttg ggccgt 1646

```

<210> 11

<211> 376

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 11

```

Met Ala Ile Arg Lys Glu Glu Glu Ser Arg Glu Glu Gln Ser Asn Ser
1      5      10      15
Phe Leu Leu Asp Ala Leu Tyr Cys Glu Glu Glu Lys Trp Asp Asp Glu
20     25     30
Gly Glu Glu Val Glu Glu Asn Ser Ser Leu Ser Ser Ser Ser Ser Pro
35     40     45
Phe Val Val Leu Gln Gln Asp Leu Phe Trp Glu Asp Glu Asp Leu Val
50     55     60
Thr Leu Phe Ser Lys Glu Glu Gln Gly Leu Ser Cys Leu Asp Asp
65     70     75     80
Val Tyr Leu Ser Thr Asp Arg Lys Glu Ala Val Gly Trp Ile Leu Arg
85     90     95
Val Asn Ala His Tyr Gly Phe Ser Thr Leu Ala Ala Val Leu Ala Ile
100    105    110
Thr Tyr Leu Asp Lys Phe Ile Cys Ser Tyr Ser Leu Gln Arg Asp Lys
115    120    125
Pro Trp Met Leu Gln Leu Val Ser Val Ala Cys Leu Ser Leu Ala Ala
130    135    140
Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu
145    150    155    160
Glu Thr Lys Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu
165    170    175
Leu Ile Leu Ser Thr Leu Glu Trp Lys Met His Leu Ile Thr Pro Ile
180    185    190
Ser Phe Val Asp His Ile Ile Arg Arg Leu Gly Leu Lys Asn Asn Ala
195    200    205
His Trp Asp Phe Leu Asn Lys Cys His Arg Leu Leu Leu Ser Val Ile
210    215    220
Ser Asp Ser Arg Phe Val Gly Tyr Leu Pro Ser Val Val Ala Ala Ala
225    230    235    240
Thr Met Met Arg Ile Ile Glu Gln Val Asp Pro Phe Asp Pro Leu Ser
245    250    255
Tyr Gln Thr Asn Leu Leu Gly Val Leu Asn Leu Thr Lys Glu Lys Val
260    265    270
Lys Thr Cys Tyr Asp Leu Ile Leu Gln Leu Pro Val Asp Arg Ile Gly
275    280    285
Leu Gln Ile Gln Ile Gln Ser Ser Lys Lys Arg Lys Ser His Asp Ser
290    295    300

```

```

Ser Ser Ser Leu Asn Ser Pro Ser Cys Val Ile Asp Ala Asn Pro Phe
305                      310                      315                      320
Asn Ser Asp Glu Ser Ser Asn Asp Ser Trp Ser Ala Ser Ser Cys Asn
                      325                      330                      335
Pro Pro Thr Ser Ser Ser Ser Pro Gln Gln Gln Pro Pro Leu Lys Lys
                      340                      345                      350
Met Arg Gly Ala Glu Glu Asn Glu Lys Lys Lys Pro Ile Leu His Leu
                      355                      360                      365
Pro Trp Ala Ile Val Ala Thr Pro
                      370                      375

```

<210> 12

<211> 1415

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 12

```

aaggcgtgag ataataaaac cctttggcctt tctcatagag atttgtccgg tctcttggtc 60
ctctttctcc tttcttcact gtagaatccg tcgaccaaac aactagctcc aatggcataa 120
tgagcattgt agttttcaat ttcttcttcc gtgaagaaga agaagatggc tttggagaaa 180
gaggaagaag cgtcacaaaa cgggtgcgttt tgtgtccttg atgggctcta ttgcgaggaa 240
gaaaccgggt ttgtggagga cgatcttgat gacgatggag atttagattt tctcgagaaa 300
tctgatgaga gtgttgtaaa gtttcagttt ttacctcttt tggatatgtt cttatgggat 360
gacgatgaga ttctgagttt gatttcaaag gaaaacgaaa cgaatccatg ttttggggaa 420
caaatcttag atggcctttt ggtttcttgt aggaaagagg ctttagattg ggttcttagg 480
gttaaacttc attatgggtt tacttcattg acggctatac ttgctgtgaa ctacttcgat 540
aggtttatga caagtataaa gcttcagact gataagccat ggatgtctca gcttgttgct 600
gtggcttctt tgtcttttagc tgctaaagtt gaagagattc aagttccatt gctcttagac 660
ctccaagtgg aagaagcaag atatctcttt gaagctaaga cgattcaaag aatggagctt 720
ttgattcttt ctactcttca atggagaatg caccctgtga ctccaatctc tttctttgat 780
cacattatcc ggcgatttgg ctctaaatgg caccagcaat tagacttctg taggaagtgt 840
gagcgtcttc tgatctctgt tattgctgat acgagggtta tgaggtagct cccttctgtc 900
ttagctactg caataatgat ccttgtcttc gaggaattga agccatgtga tgaagttgaa 960
taccaatctc aaataacgac tctactcaa gtcaatcagg agaaagtaaa tgaatgctat 1020
gaactgttgt tggagcacaa tccaagcaag aagaggatga tgaatttggg tgatcaggac 1080
agtccaagtg gtgtattaga ctttgatgac agctcaaata gctcctggaa tgtctccact 1140
actgcttcag tgcctcatc atctctgtct ccagagcctc tgctcaagag aagaagagtt 1200
caggagcagc aaatgagatt gccctcaata aaccgtatgt ttctcgatgt gcttagtagt 1260
cctcgctagt acctttcttt gatcaaatgt gtcaaaacat aaattcaatc tctcttttgc 1320
ttattattat cggccatcgg ctacaatttg aaggcagaac attttgtgat aactctaagt 1380
taattctgcc tcttaaatca taatattcat tgatc 1415

```

<210> 13

<211> 367

10 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 13

```

Met Ala Leu Glu Lys Glu Glu Glu Ala Ser Gln Asn Gly Ala Phe Cys
1                      5                      10                      15
Val Leu Asp Gly Leu Tyr Cys Glu Glu Thr Gly Phe Val Glu Asp
                      20                      25                      30
Asp Leu Asp Asp Asp Gly Asp Leu Asp Phe Leu Glu Lys Ser Asp Glu
                      35                      40                      45

```

```

Ser Val Val Lys Phe Gln Phe Leu Pro Leu Leu Asp Met Phe Leu Trp
 50          55          60
Asp Asp Asp Glu Ile Leu Ser Leu Ile Ser Lys Glu Asn Glu Thr Asn
65          70          75          80
Pro Cys Phe Gly Glu Gln Ile Leu Asp Gly Phe Leu Val Ser Cys Arg
          85          90          95
Lys Glu Ala Leu Asp Trp Val Leu Arg Val Lys Ser His Tyr Gly Phe
          100          105          110
Thr Ser Leu Thr Ala Ile Leu Ala Val Asn Tyr Phe Asp Arg Phe Met
          115          120          125
Thr Ser Ile Lys Leu Gln Thr Asp Lys Pro Trp Met Ser Gln Leu Val
          130          135          140
Ala Val Ala Ser Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Ile Gln Val
145          150          155          160
Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Glu Glu Ala Arg Tyr Leu Phe Glu
          165          170          175
Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Ile Leu Ser Thr Leu Gln
          180          185          190
Trp Arg Met His Pro Val Thr Pro Ile Ser Phe Phe Asp His Ile Ile
          195          200          205
Arg Arg Phe Gly Ser Lys Trp His Gln Gln Leu Asp Phe Cys Arg Lys
          210          215          220
Cys Glu Arg Leu Leu Ile Ser Val Ile Ala Asp Thr Arg Phe Met Arg
225          230          235          240
Tyr Phe Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Ile Met Ile Leu Val Phe Glu
          245          250          255
Glu Leu Lys Pro Cys Asp Glu Val Glu Tyr Gln Ser Gln Ile Thr Thr
          260          265          270
Leu Leu Lys Val Asn Gln Glu Lys Val Asn Glu Cys Tyr Glu Leu Leu
          275          280          285
Leu Glu His Asn Pro Ser Lys Lys Arg Met Met Asn Leu Val Asp Gln
          290          295          300
Asp Ser Pro Ser Gly Val Leu Asp Phe Asp Asp Ser Ser Asn Ser Ser
305          310          315          320
Trp Asn Val Ser Thr Thr Ala Ser Val Ser Ser Ser Ser Ser Pro
          325          330          335
Glu Pro Leu Leu Lys Arg Arg Arg Val Gln Glu Gln Gln Met Arg Leu
          340          345          350
Pro Ser Ile Asn Arg Met Phe Leu Asp Val Leu Ser Ser Pro Arg
          355          360          365

```

<210> 14

<211> 1425

<212> ADN

5 <213> Euphorbia esula

<220>

<221> misc_feature

<222> (1347)..(1347)

<223> n e s a, c, g, o t

10 <400> 14

```

tttttttttc ttctctgcct ctctatccat tccttctctt ctctctgtct ctgctatcaa      60
tagaccacctg gtgagagaaa cagagataaa gcaaattgta tggatgatg atttgcaatg      120

```

```

agattgagat tgggatttta ttttctttga tgggtataatg agcaaaggat tgaatctctt 180
cttctctgaa gaagaacaaa aatggaagac agcactcaga tttcattgat ttttgatggg 240
ttgtactgcg aagaacaagg cattggtgaa gattttgacg atgggaatga agattatgtg 300
aaaaaggagt tatctttatc ttctgttttg cttgagcagg acttgttttg gaccgatgat 360
gagttgttaa atctgatttc aaaagaaaaa gagactcatt ttagtttttg ggatttttcc 420
tctcatgggt ctttaaatggg ggctcgtaaa gagggcaatag attggatttt gaggggtaaaa 480
gggttttatg gattcaatgc tttgagctgt gttcttgctg ttaattattt tgatagattc 540
atttcgagtt tagtttttac aagagataaa ccatggatgg gtcaacttgc tgctgttgct 600
tgtttatctt tggctgctaa aatggaggag actcaagttc ctcttcttct agatttacia 660
gtggaagaat caaagtatgt gtttgaggca aagactataa agagaatgga gcttcttggtg 720
ctctctactc ttcaatggag gatgaatcct gtgaccccaa tttgctactt tgatcacatt 780
ataaggaggc taggacttaa aaaccatctg cattgggaat ttttgaggag atgtgagctt 840
ttacttctct ctgtcatttc tgattcaaga ttcattgagtt atgcaccttc tatattagca 900
acttcaatta tgatccatgt gattaaggag gttgacccat ttagtcaaat ggaataccag 960
aaccagcttt tggatgtgat caaaatcaac aaggaggaag tgaaccagtg ttacaagctc 1020
atcttgagagc tatcgggtaa gcaagatcaa gggtaaaaac gcaagtatcc ctcaagacc 1080
gggagcccaa atgggtgtgat tgatgcctat tttagtggag atagctcgaa tgattcgtgg 1140
ggagtttctt cctcaatctc atcatcacca tcgattcctc gattttaaag gatcaaatcc 1200
caggatcaac agatgaggtt gccttcaata aaccgtatgt ttgtggatgt gcttagtagt 1260
cctcattgat cttttacttt tgttatctat tgcctacttc gaaacaatgc cattataaat 1320
ttctctattt tgcataattat ttgtatnccc gtgggtactt gggtacattt ccggccta 1380
atttgaactc actcaagcta gacaaattga aaaaaaaaaa aaaaa 1425

```

<210> 15

<211> 355

<212> PRT

5 <213> Euphorbia esula

<400> 15

```

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

```

195	200	205
Arg Arg Cys Glu Leu Leu Leu Leu Ser Val Ile Ser Asp Ser Arg Phe		
210	215	220
Met Ser Tyr Ala Pro Ser Ile Leu Ala Thr Ser Ile Met Ile His Val		
225	230	235
Ile Lys Glu Val Asp Pro Phe Ser Gln Met Glu Tyr Gln Asn Gln Leu		
245	250	255
Leu Asp Val Ile Lys Ile Asn Lys Glu Glu Val Asn Gln Cys Tyr Lys		
260	265	270
Leu Ile Leu Glu Leu Ser Gly Lys Gln Asp Gln Gly Tyr Lys Arg Lys		
275	280	285
Tyr Pro Ser Arg Pro Gly Ser Pro Asn Gly Val Ile Asp Ala Tyr Phe		
290	295	300
Ser Gly Asp Ser Ser Asn Asp Ser Trp Gly Val Ser Ser Ser Ile Ser		
305	310	315
Ser Ser Pro Ser Ile Pro Arg Phe Lys Arg Ile Lys Ser Gln Asp Gln		
325	330	335
Gln Met Arg Leu Pro Ser Ile Asn Arg Met Phe Val Asp Val Leu Ser		
340	345	350
Ser Pro His		
355		

<210> 16

<211> 1501

<212> ADN

5 <213> Euphorbia esula

<400> 16

aaagaattcc	tacaacctat	gccttcttcc	ccactcagat	acccaaataa	aaacacatac	60
ccttagataa	ctgggtcacta	cccctcttcc	tgctcttttt	gtttctttga	caaagagaga	120
gaaatggctc	aaactgagtc	tttaactctc	tctttaatgt	tcatcttcta	ttcctttgcc	180
ctataatgaa	ccccaatctc	aattktatct	tcttagaaag	aagatggcaa	atcattctcc	240
attatttctc	tatgatgctc	tttactgctc	agaagaagat	aactgggaag	gagaagttgt	300
tgatattttt	catgaacaag	aagatcaagg	agaaaacacc	tctgtctttc	ccaaaattc	360
ttccccagta	gacttaaatt	gggaagaaga	tgagcttacg	tctgtatttt	ctaaacaaga	420
gcaaaaccaa	ctatataaaa	aactagaaat	caacccatgt	ctagctaaat	ctcgccgtga	480
tgctgtggat	tggatgatga	aagtcaatgc	ccattactct	ttcactgctt	tgacttcagt	540
tttggccggt	aattttcttg	atagattcct	ttttagcttc	gatcttcaaa	cggagaagcc	600
atggatgacc	cagctcacag	ctgtagcttg	tctctcctta	gcagcaaaag	tagaagagac	660
acaatgccca	cttttatttg	accttcaggt	ggtggacagt	aagtatgtgt	ttgaggctaa	720
aactatacaa	agaatggagc	ttttggtgct	ttctactctt	caatggagaa	tgaaccctgt	780
aactccatta	tcattttattg	attacatgac	aagaaggctt	ggttttaagg	attatctttg	840
ctgggaattt	atccggagat	gcgagcttat	tgttctctct	ataatctcag	atatgagatt	900
tataccttat	ctccctagtg	aaattgcttc	cgcaataatg	ctacatgtga	ttaatgggtat	960
agaacccagt	cttggagatg	aattcgaaac	ccagctattc	gggattcttg	gaattgataa	1020
ggagaagggtg	aataattgca	gagaaatgat	aatcgagtta	ggatcaagat	attacggcaa	1080
ccaatcaaac	aaaagaaaat	acgggtcgga	tccgggtagt	ccaaattgcg	taatggatgt	1140
ctcatttagt	tcagataaatt	caaacgattc	ttgggcagtc	ggatctaaat	catcatcagt	1200
gtcttctctca	cccgcggcga	agaaactcag	ggcagtttca	gggatgaacc	atgaaaatgc	1260
gataataactt	tcctaagcat	gaacattttt	taatccttaa	aatcttttta	atttatttca	1320
tttgaatccc	cttttgagga	cttggttgta	ttaaactgtt	aataattgat	gttggttagtt	1380
aaattgccgg	gcattctctgc	ttctccaatc	tcaattaaaa	tcttaattag	aattttggaa	1440
gcagagatgg	ttggcatttt	atccggaaat	tagtagtaaa	agagaaattg	cactaaaaaa	1500
a						1501

<210> 17

<211> 350

<212> PRT

<213> Euphorbia esula

<400> 17

```

Met Ala Asn His Ser Pro Leu Phe Leu Tyr Asp Ala Leu Tyr Cys Ser
1      5      10
Glu Glu Asp Asn Trp Glu Gly Glu Val Val Asp Ile Phe His Glu Gln
      20      25      30
Glu Asp Gln Gly Glu Asn Thr Ser Val Phe Pro Gln Asn Ser Ser Pro
      35      40      45
Val Asp Leu Asn Trp Glu Glu Asp Glu Leu Thr Ser Val Phe Ser Lys
      50      55      60
Gln Glu Gln Asn Gln Leu Tyr Lys Lys Leu Glu Ile Asn Pro Cys Leu
65      70      75      80
Ala Lys Ser Arg Arg Asp Ala Val Asp Trp Met Met Lys Val Asn Ala
      85      90      95
His Tyr Ser Phe Thr Ala Leu Thr Ser Val Leu Ala Val Asn Phe Leu
      100     105     110
Asp Arg Phe Leu Phe Ser Phe Asp Leu Gln Thr Glu Lys Pro Trp Met
      115     120     125
Thr Gln Leu Thr Ala Val Ala Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu
130      135      140
Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Val Asp Ser Lys
145      150     155     160
Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val Leu
      165     170     175
Ser Thr Leu Gln Trp Arg Met Asn Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe Ile
      180     185     190
Asp Tyr Met Thr Arg Arg Leu Gly Phe Lys Asp Tyr Leu Cys Trp Glu
195      200     205
Phe Ile Arg Arg Cys Glu Leu Ile Val Leu Ser Ile Ile Ser Asp Met
210      215     220
Arg Phe Ile Pro Tyr Leu Pro Ser Glu Ile Ala Ser Ala Ile Met Leu
225      230     235     240
His Val Ile Asn Gly Ile Glu Pro Ser Leu Gly Asp Glu Phe Glu Thr
      245     250     255
Gln Leu Phe Gly Ile Leu Gly Ile Asp Lys Glu Lys Val Asn Asn Cys
260      265     270
Arg Glu Met Ile Ile Glu Leu Gly Ser Arg Tyr Tyr Gly Asn Gln Ser
275      280     285
Asn Lys Arg Lys Tyr Gly Ser Asp Pro Gly Ser Pro Asn Cys Val Met
290      295     300
Asp Val Ser Phe Ser Ser Asp Asn Ser Asn Asp Ser Trp Ala Val Gly
305      310     315     320
Ser Lys Ser Ser Ser Val Ser Ser Ser Pro Ala Ala Lys Lys Leu Arg
      325     330     335
Ala Val Ser Gly Met Asn His Glu Asn Ala Ile Ile Leu Ser
      340     345     350

```

5 <210> 18

<211> 1193

<212> ADN

<213> Helianthus annuus

<400> 18

```

aatacccaat ggccatttta tcacgatatt catcttcgaa cacactcttc tgcattgaag      60
aacaagttca tgaagatgaa gatgagttaa cacatcaaga ttctcttgca atccatccat    120
tagacctaca agatttgtgt tgggaacatg aagaacttgt ctctcttttc aaaaaagaag    180
aagaacaaca aaagcaaacc ccttggcctt cttcttgtac tttgtctttt cgtaaagagg    240
ctgtggattg gatccttaaa gtcaaagggt gtcattggatt cacacctcta acagccattt    300
tagccatcaa ttatcttgat cggtttctgt ccagtctcca ttttcagaaa gctaacacac    360
cttggatgat tcaccttggt gctgttactt gtctttcttt ggctgctaaa attcaagaaa    420
ctcatgtgcc tttgctctta gatcttcagc tagaggagag taagttcttg tttgaggcca    480
agaacataca aaagacggag cttttggtga tgtcaacact gaaatggagg atgaacctag    540
tgacaccaat ctcatcttct gatcacattg taagaaggct tggattatca aatcatcttc    600
attgggattt cttcaagaaa tgtgaagcta tgattcttta cctagtggct gattcaagat    660
ttgtgtgcta taaaccatct gtgttggcaa ccgctacaat gctttgtgtt gtagaggaaa    720
tcgacccgac caattccatt ggctacaaaa gtcaacttct ggatcttctc aaaaccacta    780
aggaccacat aaatgagtggt tacaagcttg ttatggatct atoctatgat aatcacaaca    840
aaggaaagcg tgatgaaaac gagagaacaa tttatccggt tagtccagct gggtttattg    900
gttttatgtg ccacgaaagt tcaaagtatt catgatcctc gctcaagaat tgatcaataa    960
ttaggggtttg gctcacttgt aagctttaa ccactcgcaa gcactcggtt tccataacct 1020
atacaatcag cagaagttgc gctaataata gaccgcgcgg tccaccacta gttatgttgt 1080
atgggtatggt ctttaatttc tctgttggtt taggtcggtt ttaatgtgag ataagttaaa 1140
ctcgggtgatg ttatcatgtc ttattcaagc aatgaattta tataattttac atc      1193

```

<210> 19

<211> 308

<212> PRT

5 <213> *Helianthus annuus*

<400> 19

```

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

```

[illegible]

<210> 20

<211> 1400

<212> ADN

5 <213> Helianthus tuberosus

<400> 20

ttgaaccttc	atttcttttc	ttttcttctt	tctaatacac	aaccccaatg	gccattttat	60
caccatattc	atcttctttc	ttagacacac	tcttttgcaa	tgaacaacaa	gatcatgaat	120
atcatgaata	tgagtatgaa	gatgaattta	cacaaaccac	cctcacagat	tcattctgatc	180
tccatcttcc	ccccctggac	caactagatt	tgatcatggga	acatgaagag	cttgtgtcct	240
tgttcacaaa	agaacaagag	cagcaaaaaa	aaaccccttg	tactctctct	tttggaacaaa	300
ctagtccctc	agtttttgc	gctcgtaaag	aggctgtaga	tgtgactctt	aaggtcaaaa	360
gttggttatg	attcacacct	cttacagcca	ttttagccat	caattatctt	gatagggttc	420
tttctagcct	ccattttcaa	gaagataaac	cttggtatgat	tcaacttggt	gctgttagtt	480
gtctctcttt	agctgctaaa	ggtgaagaaa	ctcaagtgcc	actcttacta	gatcttcaag	540
tagaggacac	taagtacttg	tttgaggcta	aaaacataca	aaaaattggag	cttttggtga	600
tgtaacactt	gaaattggag	atgaaccgac	tgacaccaat	ctcatttctt	gatcacttg	660
taagaaggct	tggtattaact	gatcatgttc	attgggattt	tttcaagaaa	tgtgaagcta	720
tgatcctttg	tttagtttca	gattcaagat	tcgtgtgtta	taaaccatcc	gtggtggcca	780
cagctacaat	gcttcacggt	gtagatgaaa	ttgatcctcc	caattgtatt	gactacaaaa	840
gtcaacttct	ggatcttctc	aaaaccacta	aggacgacat	aaacgagtgt	tacgagctca	900
ttgtcgagct	agctttacgat	catcacaca	aacgaaaaca	tgatgcaaac	gagacaacaa	960
ccaattccgt	tattccagct	ggcgtgacg	atttctactg	tgatgaaagt	tcaaatgagt	1020
catgggaact	taatgtctcat	catttccgcg	agccttcatt	caagaaaaca	agaattggatt	1080
caacaattcg	ggttcggggt	tggttcactt	ataagcttta	atcgagggta	gttgtaaaaa	1140
tgtaatccgc	atgcacgcta	ttaatcctac	gggtccactac	tacatataat	cggcctataa	1200
aattataggt	taagatgacc	agtcgtaggc	gtcgagatgt	ccttatgggt	ggtcaatttc	1260
tctatgggtt	taggtctggt	ttaatgtgag	ataaattaaa	ttcggtatgt	taagtcttta	1320
tcaagcaatg	gacgtttatat	ttattgtttg	atattgagaa	ttaaattcca	tgggaaaaaa	1380
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa					1400

<210> 21

<211> 357

10 <212> PRT

<213> Helianthus tuberosus

<400> 21

```

Met Ala Ile Leu Ser Pro Tyr Ser Ser Ser Phe Leu Asp Thr Leu Phe
1      5      10      15
Cys Asn Glu Gln Gln Asp His Glu Tyr His Glu Tyr Glu Tyr Glu Asp
      20      25      30
Glu Phe Thr Gln Thr Thr Leu Thr Asp Ser Ser Asp Leu His Leu Pro
      35      40      45
Pro Leu Asp Gln Leu Asp Leu Ser Trp Glu His Glu Glu Leu Val Ser
      50      55      60
Leu Phe Thr Lys Glu Gln Glu Gln Lys Gln Thr Pro Cys Thr Leu
65      70      75      80
Ser Phe Gly Lys Thr Ser Pro Ser Val Phe Ala Ala Arg Lys Glu Ala
      85      90      95
Val Asp Trp Ile Leu Lys Val Lys Ser Cys Tyr Gly Phe Thr Pro Leu
      100      105      110
Thr Ala Ile Leu Ala Ile Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu Ser Ser Leu
      115      120      125
His Phe Gln Glu Asp Lys Pro Trp Met Ile Gln Leu Val Ala Val Ser
      130      135      140
Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu
145      150      155      160
Leu Asp Leu Gln Val Glu Asp Thr Lys Tyr Leu Phe Glu Ala Lys Asn
      165      170      175
Ile Gln Lys Met Glu Leu Leu Val Met Ser Thr Leu Lys Trp Arg Met
      180      185      190
Asn Pro Val Thr Pro Ile Ser Phe Leu Asp His Ile Val Arg Arg Leu
      195      200      205
Gly Leu Thr Asp His Val His Trp Asp Phe Phe Lys Lys Cys Glu Ala
      210      215      220
Met Ile Leu Cys Leu Val Ser Asp Ser Arg Phe Val Cys Tyr Lys Pro
225      230      235      240
Ser Val Leu Ala Thr Ala Thr Met Leu His Val Val Asp Glu Ile Asp
      245      250      255
Pro Pro Asn Cys Ile Asp Tyr Lys Ser Gln Leu Leu Asp Leu Leu Lys
      260      265      270
Thr Thr Lys Asp Asp Ile Asn Glu Cys Tyr Glu Leu Ile Val Glu Leu
      275      280      285
Ala Tyr Asp His His Asn Lys Arg Lys His Asp Ala Asn Glu Thr Thr
      290      295      300
Thr Asn Pro Val Ser Pro Ala Gly Val Ile Asp Phe Thr Cys Asp Glu
305      310      315      320
Ser Ser Asn Glu Ser Trp Glu Leu Asn Ala His His Phe Arg Glu Pro
      325      330      335
Ser Phe Lys Lys Thr Arg Met Asp Ser Thr Ile Arg Val Arg Val Trp
      340      345      350
Phe Thr Tyr Lys Leu
      355

```

<210> 22

<211> 1630

<212> ADN

5 <213> Lagenaria siceraria

<400> 22

```

aagagcaciaa gaaagctcat ccttaactgc tttcttcaca gggctgggtg cttctgtcga      60
cggggattcg ggtgtgagct ttttattttt ctccgtgtct cgtacccctt cggagggtta      120
gtccatagag ctcccggtgt cctcgctgct caattcagct ttgaggctct ctccttcttt      180
tccactctga ataagataga ggaaaagaga gaaacccag cttacagcca tgggtgagga      240
ttggtcttct tcgccatttt cctctgtttt tctccatttc cttctctcaa gctctacaat      300
gaacaaaaat cacagcctct ttcttctcag aagaagatgg taccaccgta tgcgcttgat      360
tctcttttatt gttcagaaga ccactgggag aacgacgacg aagaagaaga aaggggtttt      420
catgagcaac cttattctaa tttacaaccc gaatcaagtt ctccgattct ggcagtggca      480
gagcaggatc tgttttgga aaacgatgaa ttaatttctc tgttctcaag agagaagcct      540
aatgaactgt ttaaaacat tcagattgac cttctcttg ctgccgccg acgaagcgcc      600
gtcgggtgga tgctgaaggt taatgcccat tattctttct ctgctctcac tgcggttctc      660
gccgtcgatt atttgatcg gtttctgtcc tgttttcatt ttcaaagaga caagccatgg      720
atgtctcagc ttgctgctgt tgcttgatc tctcttgctg ccaaagtaga ggagacccaa      780
gtccctcttt tattggacct acaagtggaa gacagtagat atctatttga agccaagaca      840
attaagaaaa tggagcttct tgtgctctct acgcttcaat ggcggatgaa tcctgttacc      900
ccattttctt ttgtggatta tatctcaagg aggcttggat tcaaggaaca tatctgctgg      960
gaaattcttt ggcagtgtga gcgaactatt ctctctgtta ttttagagtc agattttatg     1020
tcctttcttc cttctgtaat ggccaccgct acaatgctgc acgttttcaa agctatggaa     1080
gaacccaccc tcagcgttga atacgattcc cagcttctta acatcctcgg aatcgacaag     1140
gggaattgtg aagaatgctg taagctgatc tcaaatgcat caagaagaaa cggcaacca     1200
ttcaagaaac gtaaaattgg gtcgattccg ggtagcccga acggcgtgat ggacgtgtca     1260
ttcagctccg atagctcgaa cgactcgtgg tcagtggcct cgtcagtttc atcttcgcca     1320
gagccattaa cgaagaagaa cagagccaat ggatcaatgt ctggagattg cgaacattc     1380
agaaccctct cttaattaac ttccctttct tctttttcct cgtaatcctt gtatgttgaa     1440
taagaattag aatcaatctt tttatttatc gaattctgcg agttaaattg ccttaccatc     1500
tctgcagtta agagccaatg gatgggcaat cggaagttaa aaacgcagag atggctggca     1560
ttttatccgg atgcaaagga cattgaacgt ataacaatga agagttagttt aagttgttta     1620
aaaaa      1630

```

<210> 23

<211> 352

<212> PRT

5 <213> *Lagenaria siceraria*

<400> 23

```

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

```

145		150		155		160									
Arg	Tyr	Leu	Phe	Glu	Ala	Lys	Thr	Ile	Lys	Lys	Met	Glu	Leu	Leu	Val
		165							170					175	
Leu	Ser	Thr	Leu	Gln	Trp	Arg	Met	Asn	Pro	Val	Thr	Pro	Phe	Ser	Phe
		180						185					190		
Val	Asp	Tyr	Ile	Ser	Arg	Arg	Leu	Gly	Phe	Lys	Glu	His	Ile	Cys	Trp
		195					200				205				
Glu	Ile	Leu	Trp	Gln	Cys	Glu	Arg	Thr	Ile	Leu	Ser	Val	Ile	Leu	Glu
		210				215					220				
Ser	Asp	Phe	Met	Ser	Phe	Leu	Pro	Ser	Val	Met	Ala	Thr	Ala	Thr	Met
225					230					235				240	
Leu	His	Val	Phe	Lys	Ala	Met	Glu	Glu	Pro	Thr	Leu	Ser	Val	Glu	Tyr
			245						250					255	
Asp	Ser	Gln	Leu	Leu	Asn	Ile	Leu	Gly	Ile	Asp	Lys	Gly	Asn	Val	Glu
		260					265						270		
Glu	Cys	Cys	Lys	Leu	Ile	Ser	Asn	Ala	Ser	Arg	Arg	Asn	Gly	Asn	Gln
		275					280					285			
Phe	Lys	Lys	Arg	Lys	Ile	Gly	Ser	Ile	Pro	Gly	Ser	Pro	Asn	Gly	Val
	290				295						300				
Met	Asp	Val	Ser	Phe	Ser	Ser	Asp	Ser	Ser	Asn	Asp	Ser	Trp	Ser	Val
305					310					315				320	
Ala	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Ser	Pro	Glu	Pro	Leu	Thr	Lys	Lys	Asn	Arg
			325					330						335	
Ala	Asn	Gly	Ser	Met	Ser	Gly	Asp	Cys	Glu	Thr	Phe	Arg	Thr	Leu	Ser
		340					345						350		

<210> 24

<211> 1565

<212> ADN

5 <213> *Lagenaria siceraria*

<400> 24

tggacacgaa	tttcttcgac	tagtaagcac	caaaagctcc	ataaaagaga	aaaaaaaaag	60
gggggaaatg	gggtttctct	tcctctccct	ataatgactc	cgcaataactc	aatcctcttc	120
ttccaagaag	agaagatga	agaagatggc	tttgactca	aataaacaca	gaacccaacg	180
cctccataac	tctctcttct	tcttcgactt	cctccactgc	actgaacaac	aacaccttca	240
aacagagcat	cccattttcc	ttaacaatgg	gggcaccaac	gacttccttc	ttttccaaca	300
aacaaccacc	catttccttg	tttacgaaga	cgaggagctc	aatcatttgt	tgtccaaaga	360
aaaggaccaa	aatctccaaa	cgggtgctgt	tttgaaaacc	ttggttcaaa	cagataatgc	420
tctgtctctc	gctagaacag	aggccatcga	ctgggtgctt	aaagttaatg	ccttttatgg	480
tttctcctct	ctcacagctc	tcttagccat	taattacctc	gatagaatcc	tctctgggcc	540
ctattttcaa	agagataagc	catggatgct	tcagcttgct	gctgtaactt	gcatctcttt	600
agctgctaaa	gtcgaagaaa	ttcgtgtccc	tcttcttcta	gacctccagg	tggaagattc	660
aaagtacatt	tttgaagcga	aaacgataca	gaggatggag	cttttagtgc	ttactgctct	720
gcaatggaag	atgcaccag	tggcccctgt	ttcgtttctt	ggcattatca	caaaaggact	780
tggaatgaag	aatcagtaca	ttcaaagaga	gtttcttaga	cgctgtgagc	gtattcttct	840
ctctctcgtc	tctgattcga	gatcggtggg	gattcttctt	tctataatgg	cggtatcagc	900
aatggtgagc	gttggtgaag	agatgggaaa	ctgtaaccca	ttggaggagt	ttcaggatca	960
gcttcttaat	gccctcaaaa	taaataaggg	gagagtgaag	gagtgttgta	aagtgataat	1020
ggaggcaaaa	ataaaaggat	caggggaagag	gaagcatgtg	gaggaggaag	cagaagcaga	1080
agcagaatca	gaatcatcag	aagcagaaac	agagggagaa	gcagaagcag	aagcagggag	1140
cccaaatgga	gtaatggagg	ctaatttcag	ctgtgaaagc	tccaacgatt	cgtgggaaat	1200
ggggacgatt	gtgtcagaat	acacacattt	ttcttcttct	tcttcttctt	cttccaaaag	1260
aatcagaccc	actcgatgaa	ttatttgaat	aatgaattga	accaaatttg	cagagattca	1320

```

atatccatta cattagcctt cccctgttct gaaatggcac attggcaaac acacaaaaac 1380
cagagacaaa aaagtgggga aaaacagaga agtaatgatg acgatgatga tgagagaggt 1440
tggtcttctc ttcttttata gctcattaat tatgttgat atgatgaaat tgatgagtat 1500
ttgcttctat taatattgct ctcttcttca tttcaaaaaa aaaaaaaagt tgaccacgcg 1560
tgccc 1565

```

<210> 25

<211> 380

<212> PRT

5 <213> *Lagenaria siceraria*

<400> 25

```

Met Lys Lys Met Ala Leu His Ser Asn Lys His Arg Thr Gln Arg Leu
1      5      10      15
His Asn Ser Leu Phe Phe Phe Asp Phe Leu His Cys Thr Glu Gln Gln
20      25      30
His Leu Gln Thr Glu His Pro Ile Phe Leu Asn Asn Gly Gly Thr Asn
35      40      45
Asp Phe Pro Leu Phe Gln Gln Thr Thr Thr His Phe Leu Val Tyr Glu
50      55      60
Asp Glu Glu Leu Asn His Leu Leu Ser Lys Glu Lys Asp Gln Asn Leu
65      70      75      80
Gln Thr Gly Ala Val Leu Lys Thr Leu Val Gln Thr Asp Asn Ala Leu
85      90      95
Ser Leu Ala Arg Thr Glu Ala Ile Asp Trp Leu Leu Lys Val Asn Ala
100     105     110
Phe Tyr Gly Phe Ser Ser Leu Thr Ala Leu Leu Ala Ile Asn Tyr Leu
115     120     125
Asp Arg Ile Leu Ser Gly Pro Tyr Phe Gln Arg Asp Lys Pro Trp Met
130     135     140
Leu Gln Leu Ala Ala Val Thr Cys Ile Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu
145     150     155     160
Glu Ile Arg Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Glu Asp Ser Lys
165     170     175
Tyr Ile Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val Leu
180     185     190
Thr Ala Leu Gln Trp Lys Met His Pro Val Ala Pro Val Ser Phe Leu
195     200     205
Gly Ile Ile Thr Lys Gly Leu Gly Met Lys Asn Gln Tyr Ile Gln Arg
210     215     220
Glu Phe Leu Arg Arg Cys Glu Arg Ile Leu Leu Ser Leu Val Ser Asp
225     230     235     240
Ser Arg Ser Val Gly Ile Leu Pro Ser Ile Met Ala Val Ser Ala Met
245     250     255
Val Ser Val Val Glu Glu Met Gly Asn Cys Asn Pro Leu Glu Glu Phe
260     265     270
Gln Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu Lys Ile Asn Lys Gly Arg Val Lys
275     280     285
Glu Cys Cys Lys Val Ile Met Glu Ala Lys Ile Lys Gly Ser Gly Lys
290     295     300
Arg Lys His Val Glu Glu Glu Ala Glu Ala Glu Ala Glu Ser Glu Ser
305     310     315     320
Ser Glu Ala Glu Thr Glu Gly Glu Ala Glu Ala Glu Ala Gly Ser Pro
325     330     335

```

Asn Gly Val Met Glu Ala Asn Phe Ser Cys Glu Ser Ser Asn Asp Ser
 340 345 350
 Trp Glu Met Gly Thr Ile Val Ser Glu Tyr Thr His Phe Ser Ser Ser
 355 360 365
 Ser Ser Ser Ser Ser Lys Arg Ile Arg Pro Thr Arg
 370 375 380

<210> 26

<211> 1518

<212> ADN

5 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 26

ctccttttgg	ctcttctctat	tccctctctc	tcttcccctt	ttttctgtcc	tttagagaga	60
gaaaaaaaaat	ccataagcca	agcagcagat	atgttactgg	gtccaagatt	gagttttggc	120
ttaccttaaa	gataatgagt	agagccttca	ttgtcttctt	ccctctagaa	gaaggagaag	180
atggttttcc	cttttagattc	ccagctccaa	aatcctatct	ctgctcttct	tgatggcctt	240
tactgtgagg	aagatcgatt	cttggatgat	gatttagggg	aatggcttag	tttagatgtc	300
ggaaatgaaa	atgttaaaaa	gactctgcct	ttattagaat	gtgacatgtt	ttgggaacat	360
gatgagcttg	ccacactttt	atctaaggaa	aatgagtctt	atttgggttt	tcaatcttta	420
atctcagatg	ggtctttaa	gggggctaga	aaagaggctt	tggattggat	gttgagggtc	480
attgcttact	atggttttac	tgctaccact	gctgttttag	ctgtgaacta	ttttgatagg	540
tttgtgtctg	gatgggtgctt	tcagaaagat	aagccttgga	tgagtcagct	tgctgctgtt	600
gcctgtcttt	ccattgctgc	taaagtggag	gagaccaag	ttcccctttt	gttagaccta	660
caagttgctg	attctagatt	tgtgtttgag	gcaaagacta	tacagagaat	ggaactcttg	720
gtgctttcta	ctcttaagtg	gaaaatgaat	ctggtgacac	cattatcttt	cattgatcat	780
attatgagga	gatttggatt	catgagcaac	ctgcatatgg	attttcttaa	gaagtgtgaa	840
cgctcattc	ttgatatcat	cactgattct	aggctcttgc	attatcctcc	atctgttatt	900
gcaactgcat	cgatgtttta	tgtgatcaat	gacattgagc	ctagcaatgc	tatggaatac	960
caaaatcagc	tcatgagtgt	tcttaaagtc	agaaaggaca	tctttgagga	atgccatgat	1020
cttattcttg	agctaattgga	cactgcctgt	tacaagctct	gccaaagcct	caagcgcaaa	1080
catcattcag	tacctggtag	tccaagtgg	gttattgatg	catatttttag	tagtgagagc	1140
tcgaatgaat	catgggtcagt	agcatcttcg	atttcacctc	cacctgagcc	tcagtataag	1200
agaaacaaaa	ctcaagatca	gcgaatgaca	ctagctccac	tgggtagtaa	tcttctactga	1260
tcgatatctt	gttctctaga	ttacctagta	tttcggcaat	ggtttactct	cttttttgggt	1320
atgttctctt	aaaaatgcaa	ttgcacaatg	ctctgatgct	ccatttaagt	tttactggac	1380
ttaatttgtc	cgatgatcgt	ctagactatg	tgaacatcaa	ctccaccccc	ctccttcatt	1440
ggacatggga	ttggtggagt	tttcccttga	gttgaatcaa	tgctgctgaa	ttatgttgaa	1500
aaaaaaaaaa	aaaaaaaa					1518

<210> 27

<211> 359

10 <212> PRT

<213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 27

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

Thr Leu Leu Ser Lys Glu Asn Glu Phe His Leu Gly Phe Gln Ser Leu
 65 70 75 80
 Ile Ser Asp Gly Ser Leu Met Gly Ala Arg Lys Glu Ala Leu Asp Trp
 85 90 95
 Met Leu Arg Val Ile Ala Tyr Tyr Gly Phe Thr Ala Thr Thr Ala Val
 100 105 110
 Leu Ala Val Asn Tyr Phe Asp Arg Phe Val Ser Gly Trp Cys Phe Gln
 115 120 125
 Lys Asp Lys Pro Trp Met Ser Gln Leu Ala Ala Val Ala Cys Leu Ser
 130 135 140
 Ile Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu
 145 150 155 160
 Gln Val Ala Asp Ser Arg Phe Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg
 165 170 175
 Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Thr Leu Lys Trp Lys Met Asn Leu Val
 180 185 190
 Thr Pro Leu Ser Phe Ile Asp His Ile Met Arg Arg Phe Gly Phe Met
 195 200 205
 Ser Asn Leu His Met Asp Phe Leu Lys Lys Cys Glu Arg Leu Ile Leu
 210 215 220
 Asp Ile Ile Thr Asp Ser Arg Leu Leu His Tyr Pro Pro Ser Val Ile
 225 230 235 240
 Ala Thr Ala Ser Met Phe Tyr Val Ile Asn Asp Ile Glu Pro Ser Asn
 245 250 255
 Ala Met Glu Tyr Gln Asn Gln Leu Met Ser Val Leu Lys Val Arg Lys
 260 265 270
 Asp Ile Phe Glu Glu Cys His Asp Leu Ile Leu Glu Leu Met Asp Thr
 275 280 285
 Ala Cys Tyr Lys Leu Cys Gln Ser Leu Lys Arg Lys His His Ser Val
 290 295 300
 Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala Tyr Phe Ser Ser Glu Ser
 305 310 315 320
 Ser Asn Glu Ser Trp Ser Val Ala Ser Ser Ile Ser Ser Ser Pro Glu
 325 330 335
 Pro Gln Tyr Lys Arg Asn Lys Thr Gln Asp Gln Arg Met Thr Leu Ala
 340 345 350
 Pro Leu Gly Ser Asn Leu His
 355

<210> 28

<211> 1459

5 <212> ADN

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 28

acagagatat	tagaagggga	aaaaaatggc	aatagagaat	aatgatcaat	cttttttttt	60
agatgtgctt	tactgtgaag	aagaagaaga	aaaatggggt	gatttggttag	aggatgaaga	120
aggggttatt	attaacccat	tgttggtatc	ttccgaagga	acaacaaaaa	ctaattcttt	180
attattatta	cctctgcttc	tgttggaaca	agatttggtt	tgggaagatg	aagagcttct	240
ttcacttttc	gttaaagaaa	aagaaactcg	ttgttggttt	gaaagttttg	ggagtgaacc	300
ttttctctgt	tcagctcgtg	ttgatgttgt	tgaatggatt	cttaaagtga	atgctcatta	360
tgattttctc	gcattgactg	ccatttttagc	cattaattat	cttgacaggt	ttctttctag	420
ccttcaattt	cagaaagata	agccatggat	gactcaactt	gctgctgtca	cttgcttttc	480
tttagcggct	aaagttgaag	aaactcaagt	tccccttctt	cttgacttcc	aagtggagga	540

tgcaaaatat	gtgtttgagg	caaagactat	acaagaatg	gagcttctgg	tactgtcatc	600
actgaaatgg	aggatgaatc	cagtgacccc	actttcatth	cttgatcata	ttataagaag	660
gcttgggcta	aagaacaatg	ttcattggga	atctctcaga	agatgtgaaa	gtcttcttct	720
atctgtcatg	attgattgta	gatttgtagc	ttatatgcct	tctgtattgg	ctactgcaat	780
tatgcttcat	gttattcatc	aaattgagcc	ttgtaatgct	attgactatc	aaaatcaact	840
tcttgggggt	ctcaaaatta	gcaaggagaa	tgtgaataat	tgctatgaac	tcatatccga	900
agtgtcatca	aagcctatta	catcacacaa	acgcaaata	gatgaaaatc	ccagtagtcc	960
aagtgggtgta	atagatccaa	tttactcttc	agaaagtcca	aatgattcat	gggatttaga	1020
tttgcccttcg	ttcaagaaaa	gcaaagttca	agaacagcaa	atgaaaatgt	catcatcatt	1080
gagcagagtt	tttgtggaag	ctgttggtag	tcctcattaa	aatgtctctt	ttaaatattt	1140
taattacata	ttcaagaagt	atcttgctgt	tatgtgttag	ctgtgggttg	tggcagagaa	1200
gagaagatga	gtggctttat	tttttgcagg	agtgtagtct	actactacta	ctgtgaagcc	1260
agagagagaa	agagaaaaga	cagaatatgt	gcaatccttg	tttttctctc	tatttatttc	1320
aattttctct	ctcaagtcac	tttcatgcat	gcatactttt	gatggactac	tctattttata	1380
ttgcctttac	ttattagtac	ttaatatata	tatatatata	tatatatata	tataaatcat	1440
ataaaaaaaaa	aaaaaaaaa					1459

<210> 29

<211> 364

5 <212> PRT

<213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 29

Met Ala Ile Glu Asn Asn Asp Gln Ser Phe Phe Leu Asp Val Leu Tyr
 1 5 10 15
 Cys Glu Glu Glu Glu Glu Lys Trp Gly Asp Leu Leu Glu Asp Glu Glu
 20 25 30
 Gly Val Ile Ile Asn Pro Leu Leu Leu Ser Ser Glu Gly Thr Thr Lys
 35 40 45
 Thr Asn Ser Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Glu Gln Asp Leu
 50 55 60
 Phe Trp Glu Asp Glu Glu Leu Leu Ser Leu Phe Val Lys Glu Lys Glu
 65 70 75 80
 Thr Arg Cys Cys Phe Glu Ser Phe Gly Ser Asp Pro Phe Leu Cys Ser
 85 90 95
 Ala Arg Val Asp Val Val Glu Trp Ile Leu Lys Val Asn Ala His Tyr
 100 105 110
 Asp Phe Ser Ala Leu Thr Ala Ile Leu Ala Ile Asn Tyr Leu Asp Arg
 115 120 125
 Phe Leu Ser Ser Leu Gln Phe Gln Lys Asp Lys Pro Trp Met Thr Gln
 130 135 140
 Leu Ala Ala Val Thr Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr
 145 150 155 160
 Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu Asp Ala Lys Tyr Val
 165 170 175
 Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Ser
 180 185 190
 Leu Lys Trp Arg Met Asn Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe Leu Asp His
 195 200 205
 Ile Ile Arg Arg Leu Gly Leu Lys Asn Asn Val His Trp Glu Phe Leu
 210 215 220
 Arg Arg Cys Glu Ser Leu Leu Leu Ser Val Met Ile Asp Cys Arg Phe
 225 230 235 240
 Val Arg Tyr Met Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Ile Met Leu His Val

245 250 255
 Ile His Gln Ile Glu Pro Cys Asn Ala Ile Asp Tyr Gln Asn Gln Leu
 260 265 270
 Leu Gly Val Leu Lys Ile Ser Lys Glu Asn Val Asn Asn Cys Tyr Glu
 275 280 285
 Leu Ile Ser Glu Val Ser Ser Lys Pro Ile Thr Ser His Lys Arg Lys
 290 295 300
 Tyr Asp Glu Asn Pro Ser Ser Pro Ser Gly Val Ile Asp Pro Ile Tyr
 305 310 315 320
 Thr Ser Glu Ser Ser Asn Asp Ser Trp Asp Leu Asp Leu Pro Ser Phe
 325 330 335
 Lys Lys Ser Lys Val Gln Glu Gln Gln Met Lys Met Ser Ser Ser Leu
 340 345 350
 Ser Arg Val Phe Val Glu Ala Val Gly Ser Pro His
 355 360

<210> 30

<211> 1449

5 <212> ADN

<213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 30

```

acaaacctta tttttctttt tcttttttta aattcagttt cttgaattag tatgaagtaa      60
atgaaaacac aactaaactt cttcttctca gaagaagata atgtctcacc attatcaaga    120
acaagaacaa ctagaagcac aaaagattcc atttttatta gattcacttt actgtgaaga    180
aaataatata ctcactgaag tatcaataga gacagagagt ttttcttcac atgatttggt    240
atgggaagaa gaagaactta cctctctggt ttctaaagaa acagagtatg aaataagcta    300
caatgtgtta gaaaaaaacc agtcttttat ttcatcaaga agagaatcag ttgaatggat    360
actcaaaaca actgcttatt actctttttc tgctcaaact ggatttcttg cagttaatta    420
ctttgataga tttctgttat ttagttttta tcagtctctg aatcataagc catggatgaa    480
tcaacttggt gctgttactt gtcctttcatt agctgctaaa gttgaagaaa ctgatgttcc    540
tctgcttctt gaccttcaag ttgaggaatc aggatttttg tttgaatcta aaacaatata    600
gagaatggag atgttgattc tgtctacact taaatggaag atgaatccag taacccatt    660
ttcatttctt gattttataa ctagaagact tggattgaag cactgtctat ctttggatt    720
tctgaggaga tgtgagaaag tgcttcttta cacaattact gatgatagat tcattgggta    780
ccttccttct gcaatggcat ctgccacaat gttgcatggt cttgataggc ttaagccttg    840
cattggagaa aagtaccaag atcaactttt gggcattctt ggaattgtca aggagaagg    900
ggaaggatgt tacaggctaa tacaagaagt ggcttgcaac attgactttg gttcaaataa    960
gagaaagttt gggacattac cagggagtc aacaggggtt atggatatgt catttagctc   1020
agattactcc aatgactcat ggtcagtggc tacatcagtt acttcacac ctgagccatt   1080
gtccaagaag attagggagt caaatgaatg actaatataa tgtcttttaa atatttcctt   1140
attagtagac tagttattat tgttattatt agatatgtat aatgtccaat aacagtgatc   1200
cacttgctct ttagtttaag tattagtaat taattaagtt cttgtttatt cacatgtaa   1260
ttttgcttac atgtaaaaat tcaaaccctt ttttgacaat tatcacagct agctagctaa   1320
tggaccattt gtttaatgct gtactgtcta tagtggggct atgagatttt gtactagtta   1380
aaagatggtt tggcacttta ttccaaggaa ataaaaactt gcatgaaaaa caaaaaaaa   1440
aaaaaaaaa

```

<210> 31

<211> 336

<212> PRT

5 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 31

Met Ser His His Tyr Gln Glu Gln Glu Gln Leu Glu Ala Gln Lys Ile
 1 5 10 15
 Pro Phe Leu Leu Asp Ser Leu Tyr Cys Glu Glu Asn Asn Ile Leu Thr
 20 25 30
 Glu Val Ser Ile Glu Thr Glu Ser Phe Ser Ser His Asp Leu Leu Trp
 35 40 45
 Glu Glu Glu Glu Leu Thr Ser Leu Phe Ser Lys Glu Thr Glu Tyr Glu
 50 55 60
 Ile Ser Tyr Asn Val Leu Glu Lys Asn Gln Ser Phe Ile Ser Ser Arg
 65 70 75 80
 Arg Glu Ser Val Glu Trp Ile Leu Lys Thr Thr Ala Tyr Tyr Ser Phe
 85 90 95
 Ser Ala Gln Thr Gly Phe Leu Ala Val Asn Tyr Phe Asp Arg Phe Leu
 100 105 110
 Leu Phe Ser Phe Asn Gln Ser Leu Asn His Lys Pro Trp Met Asn Gln
 115 120 125
 Leu Val Ala Val Thr Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr
 130 135 140
 Asp Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Glu Glu Ser Gly Phe Leu
 145 150 155 160
 Phe Glu Ser Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Met Leu Ile Leu Ser Thr
 165 170 175
 Leu Lys Trp Lys Met Asn Pro Val Thr Pro Phe Ser Phe Leu Asp Phe
 180 185 190
 Ile Thr Arg Arg Leu Gly Leu Lys His Cys Leu Ser Leu Glu Phe Leu
 195 200 205
 Arg Arg Cys Glu Lys Val Leu Leu Tyr Thr Ile Thr Asp Asp Arg Phe
 210 215 220
 Ile Gly Tyr Leu Pro Ser Ala Met Ala Ser Ala Thr Met Leu His Val
 225 230 235 240
 Leu Asp Arg Leu Lys Pro Cys Ile Gly Glu Lys Tyr Gln Asp Gln Leu
 245 250 255
 Leu Gly Ile Leu Gly Ile Val Lys Glu Lys Val Glu Gly Cys Tyr Arg
 260 265 270
 Leu Ile Gln Glu Val Ala Cys Asn Ile Asp Phe Gly Ser Asn Lys Arg
 275 280 285
 Lys Phe Gly Thr Leu Pro Gly Ser Pro Thr Gly Val Met Asp Met Ser
 290 295 300
 Phe Ser Ser Asp Tyr Ser Asn Asp Ser Trp Ser Val Ala Thr Ser Val
 305 310 315 320
 Thr Ser Ser Pro Glu Pro Leu Ser Lys Lys Ile Arg Glu Ser Asn Glu
 325 330 335

<210> 32

<211> 1861

<212> ADN

5 <213> Medicago sativa

<400> 32

```

gaattcggca cgagctcttc tgctacgact acctctccct atactctcta ctctttctag    60
ttctactact tttcttttct tctctgttct ctctctcttc ttcatttctt cacattttca    120
cacacacaga gaagacagaa caaagaggaa aagagagagc gatggatgtg agactcttca    180
gtactgtttc cttcttttta taatgaacaa aggaccacac accctcttct tcaactgaaga    240
agatggctat ccatcatcat catcacaatc accaacaact tcaacaacac acttcttctc    300

```

```

tttttgatgc actttactgt gatgaagaag aaaaatggga agatgatgat gaaggagaag 360
ttgtagatga aggagcacaa agtgatgtca caacaacaaa ctatgatata ttggactcta 420
cttccctttt acctctgctt ttgttagaac agaacttggt caatgaagat gaagaactca 480
acactctttt ctccaaagag ataactcaac aagaaacata ttacgaggat ctgaaaaatg 540
tgatcaactt tgactcactc tctcaaccac gtcgtgaagc tgttgaatgg atgcttaaag 600
tcaatgctca ttatggtttc tctgctctca ctgcaacact tgctgttaac tatcttgata 660
ggtttctttt aagcttccat ttccaaaaag agaaaccatg gatgattcag cttgttgctg 720
ttacttgcac ctcttttagct gctaaagtgg aagaaactca agttcctctt ctcttagacc 780
ttcaagtgca agatactaaa tatgtgtttg aggcaaagac tattcagaga atggagctat 840
tgattctgtc aacactgaaa tgggaagatgc atccagtgc aacacactct tttctagatc 900
acattataag aaggcttgga ttgaaaacta atcttcattg ggagtttctt aggcgctgtg 960
agaatcttct tctatctgta ctttttagatt caagatttgt tggttgtgtt ccttctgtgt 1020
tggccactgc tacaatgttg catgttatag accagattga acagagtgat gataatgggtg 1080
tggattacaa aaatcagctt cttaatgttc tcaaaatcag caaggagaaa gttgatgaat 1140
gttataatgc gattcttcat cttacaaatg caaataatta tggtcataaa cgaaaaatag 1200
aagaaatccc tggtagtcca agtggcgtaa ttgatgctgt ttttagttct gatggttcta 1260
acgattcgtg gacagtggga gcatcatcat attcaacctc agagcctgtg tttagaaga 1320
ccaagaatca aggacaaaat atgaatttgt caccgattaa cagggtcatt gtcggaattc 1380
ttgccactgc aacctctcct taaaaccctc tatccgtttt ctgtcctttt tatttaaaaa 1440
aaaataacca tataaaaaat tacccccata aaaaagatct atatttattt actatgggta 1500
tgttcatgtt gctactaaac tctagttagt ttagtagtct ttctttctat ctcttcattt 1560
ccaacaatgt cccaaattca tttacatgaa tctcttgaag aggcagtggc aagatgatga 1620
tagaggatta aaggaatggg taatttctga tgagttaaaa aggaaaggac aaagttggca 1680
atgaagattt ttattactat gagcagaaaa gaaccctatg atatctgttt catttcaagg 1740
cactgttttt ttattttatt caatggttct cttctagacc ataccgaatt tggacatatt 1800
tatatcatat ttctataata aattgggaat aatttttggg ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860
a 1861

```

<210> 33

<211> 386

<212> PRT

5 <213> *Medicago sativa*

<400> 33

```

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

```

Thr Cys Ile Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu
 165 170 175
 Leu Leu Asp Leu Gln Val Gln Asp Thr Lys Tyr Val Phe Glu Ala Lys
 180 185 190
 Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Ile Leu Ser Thr Leu Lys Trp Lys
 195 200 205
 Met His Pro Val Thr Thr His Ser Phe Leu Asp His Ile Ile Arg Arg
 210 215 220
 Leu Gly Leu Lys Thr Asn Leu His Trp Glu Phe Leu Arg Arg Cys Glu
 225 230 235 240
 Asn Leu Leu Leu Ser Val Leu Leu Asp Ser Arg Phe Val Gly Cys Val
 245 250 255
 Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Thr Met Leu His Val Ile Asp Gln Ile
 260 265 270
 Glu Gln Ser Asp Asp Asn Gly Val Asp Tyr Lys Asn Gln Leu Leu Asn
 275 280 285
 Val Leu Lys Ile Ser Lys Glu Lys Val Asp Glu Cys Tyr Asn Ala Ile
 290 295 300
 Leu His Leu Thr Asn Ala Asn Asn Tyr Gly His Lys Arg Lys Tyr Glu
 305 310 315 320
 Glu Ile Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala Val Phe Ser Ser
 325 330 335
 Asp Gly Ser Asn Asp Ser Trp Thr Val Gly Ala Ser Ser Tyr Ser Thr
 340 345 350
 Ser Glu Pro Val Phe Lys Lys Thr Lys Asn Gln Gly Gln Asn Met Asn
 355 360 365
 Leu Ser Pro Ile Asn Arg Val Ile Val Gly Ile Leu Ala Thr Ala Thr
 370 375 380
 Ser Pro
 385

<210> 34

<211> 1679

<212> ADN

5 <213> *Nicotiana tabacum*

<400> 34

aaacgagtct	ctgtgtactc	ctcctcctat	agcttttctc	tcttcttctc	ttcacacctc	60
ccacaacaca	caatcagaca	aaatagagag	gaaaaatgagt	atggtgaaaa	agctttgttt	120
tgtataatga	gaaaaagaga	tttatataca	tctcttcttc	tacttctctc	ttactagaag	180
atggcaatag	aacacaatga	gcaacaagaa	ctatctcaat	cttttctttt	agatgctctt	240
tactgtgaag	aagaagaaga	aaaatgggga	gatttagtag	atgatgagac	tattattaca	300
ccactctctt	cagaagtaac	aacaacaaca	acaacaacaa	caaagcctaa	ttctttatta	360
cctttgcttt	tggtggaaca	agatttattt	tggaagatg	aagagcttct	ttcacttttc	420
tctaaagaaa	aagaaaccca	ttgttggttt	aacagttttc	aagatgactc	tttactctgt	480
tctgcccgtg	ttgattctgt	ggaatggatt	ttaaaagtga	atggttatta	tggtttctct	540
gctttgactg	cgtttttagc	cataaattac	tttgacaggt	ttctgactag	tcttcattat	600
cagaaagata	aaccttggat	gattcaactt	gctgctgtta	cttgtctttc	tttagctgct	660
aaagttgaag	aaactcaagt	tcctcttctt	ttagattttc	aagtggagga	tgctaaatat	720
gtgtttgagg	caaaaactat	tcaaagaatg	gagcttttag	tgttgtcttc	actaaaatgg	780
aggatgaatc	cagtgacccc	actttcattt	cttgatcata	ttataaggag	gcttgggcta	840
agaaataata	ttcactggga	atttcttaga	agatgtgaaa	atctctcctc	ctctattatg	900
gctgattgta	gattcgtagc	ttatatgccg	tctgtatttg	ccactgcaat	tatgcttcac	960
gttattcatc	aagttgagcc	ttgtaattct	gttgactacc	aaaatcaact	tcttgggggtt	1020

```

ctcaaaatta acaaggagaa agtgaataat tgctttgaac tcatatcaga agtgtgttct 1080
aagcccatTTT cacacaaacg caaatatgag aatcctagtc atagccaag tgggtgtaatt 1140
gatccaattt acagttcaga aagttcaaat gattcatggg atttggagtc aacatcttca 1200
tattttcctg ttttcaagaa aagcagagta caagaacagc aaatgaaatt ggcattcttca 1260
attagcagag tttttgtgga agctgttggt agtcctcatt aaaatcaatc acctgattta 1320
tctcttttct ttcttattac caactatggt ggtaataata tttattgata ttcagaagta 1380
tttaccttta atgtcatttt caaaaattac atgaaaatgg aaaaaaagaa aagaagagct 1440
tagctgggtg ttgcagttgg cagagaagag gactggcttt tttttgcagg agtgtagtct 1500
actactactg gaaagcagag atagagagag gagaaaagac agaaaatctg cactatttgt 1560
tttttctcta ttcatatcaa ttctctctta ggtccttttc atgcatgcat acttttgatg 1620
gacatatttt atatatTTTac tataatcata aattcttgaa taaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1679

```

<210> 35

<211> 373

<212> PRT

5 <213> Nicotiana tabacum

<400> 35

```

Met Ala Ile Glu His Asn Glu Gln Gln Glu Leu Ser Gln Ser Phe Leu
1          5          10          15
Leu Asp Ala Leu Tyr Cys Glu Glu Glu Glu Lys Trp Gly Asp Leu
          20          25          30
Val Asp Asp Glu Thr Ile Ile Thr Pro Leu Ser Ser Glu Val Thr Thr
          35          40          45
Thr Thr Thr Thr Thr Thr Lys Pro Asn Ser Leu Leu Pro Leu Leu Leu
          50          55          60
Leu Glu Gln Asp Leu Phe Trp Glu Asp Glu Glu Leu Leu Ser Leu Phe
65          70          75          80
Ser Lys Glu Lys Glu Thr His Cys Trp Phe Asn Ser Phe Gln Asp Asp
          85          90          95
Ser Leu Leu Cys Ser Ala Arg Val Asp Ser Val Glu Trp Ile Leu Lys
          100         105         110
Val Asn Gly Tyr Tyr Gly Phe Ser Ala Leu Thr Ala Val Leu Ala Ile
          115         120         125
Asn Tyr Phe Asp Arg Phe Leu Thr Ser Leu His Tyr Gln Lys Asp Lys
130         135         140
Pro Trp Met Ile Gln Leu Ala Ala Val Thr Cys Leu Ser Leu Ala Ala
145         150         155         160
Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu
          165         170         175
Asp Ala Lys Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu
          180         185         190
Leu Val Leu Ser Ser Leu Lys Trp Arg Met Asn Pro Val Thr Pro Leu
          195         200         205
Ser Phe Leu Asp His Ile Ile Arg Arg Leu Gly Leu Arg Asn Asn Ile
210         215         220
His Trp Glu Phe Leu Arg Arg Cys Glu Asn Leu Leu Ser Ile Met
225         230         235         240
Ala Asp Cys Arg Phe Val Arg Tyr Met Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala
          245         250         255
Ile Met Leu His Val Ile His Gln Val Glu Pro Cys Asn Ser Val Asp
          260         265         270
Tyr Gln Asn Gln Leu Leu Gly Val Leu Lys Ile Asn Lys Glu Lys Val
          275         280         285

```

```

Asn Asn Cys Phe Glu Leu Ile Ser Glu Val Cys Ser Lys Pro Ile Ser
 290                295                300
His Lys Arg Lys Tyr Glu Asn Pro Ser His Ser Pro Ser Gly Val Ile
305                310                315                320
Asp Pro Ile Tyr Ser Ser Glu Ser Ser Asn Asp Ser Trp Asp Leu Glu
                325                330                335
Ser Thr Ser Ser Tyr Phe Pro Val Phe Lys Lys Ser Arg Val Gln Glu
                340                345                350
Gln Gln Met Lys Leu Ala Ser Ser Ile Ser Arg Val Phe Val Glu Ala
                355                360                365
Val Gly Ser Pro His
 370

```

<210> 36

<211> 1430

<212> ADN

5 <213> Nicotiana tabacum

<400> 36

```

cacctttact ctcttctcct ttttggtctt tccattctc tccttctctt tctttatatt 60
ctgtcctgta gagagagaga gaaagtataa gcaaagcagc agatatgtta ctgggtccaa 120
gattgagttt tggcttacct tgaagataat gagtagagcc tccattgtct tcttccgtca 180
agaagaagaa gaagaagatg gttttccctt tagatactca gtcctctaat ccaatctttg 240
atgtccttta ctgtgaggaa gatcgattct tggacgatga tgatttagga gaatggtcta 300
gtactttaga acaagtagga aataatgtga aaaagactct acctttatta gaatgtgaca 360
tgttttggga agatgaccag ctgtgcactc ttttaactaa ggaaaaagag tctcatttgg 420
gttttgattg tttaatctca gatggagatg ggtttttagt ggagggttaga aaagaggcat 480
tggattggat gttgagagtc attgctcact atggtttcac tgctatgact gctgttttag 540
ctgtgaatta ttttgatagg tttgtatctg gactctgctt tcagaaagat aagccttgga 600
tgagtcaact tgctgctgtg gcttgtcttt ctattgctgc taaagtggaa gagaccaag 660
tcccccttct cttagacctc caagtggctg attcaagatt tgtgtttgag gcaaagacta 720
ttcagagaat ggaactcttg gtgctctcca ctcttaagtg gaaaatgaat ccagtgcac 780
cactatcttt cattgatcat atcatgagga gatttggatt catgaccaat ctacatttgg 840
attttcttag gagatgtgaa cgcctcattc ttggtattat cactgattct aggctcttgc 900
attatcctcc atctgttatt gcaactgcag tagtgtattt cgtgatcaat gagattgagc 960
cttgcaatgc aatggaatac cagaatcagc tcatgactgt tcttaaagtc aaacaggata 1020
gttttgaaga atgccatgat cttattctag agctaattggg cacttctggc tacaatatct 1080
gccaaagcct caagcgcaa catcaatctg tacctggcag tccaagtggg gttatcgatg 1140
catattttag ttgcgacagc tctaattgatt cgtggtcggt agcatcttca atttcatcgt 1200
caccagaacc tcagtataag aggatcaaaa ctcaggatca gacaatgaca ctgggtccac 1260
tgagttctgt ttctgtcgtt gtgggcagta gtcctcgttg atcagtatct cattctctag 1320
attatctagt attacggcta tggttactat atgatctctc ttttttggtg tggtctctta 1380
aactgcagtt gcacaatgct ctgatgttcc attaaaaaaa aaaaaaaaaa 1430

```

<210> 37

<211> 367

10 <212> PRT

<213> Nicotiana tabacum

<400> 37

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

Trp Ser Ser Thr Leu Glu Gln Val Gly Asn Asn Val Lys Lys Thr Leu
 35 40 45
 Pro Leu Leu Glu Cys Asp Met Phe Trp Glu Asp Asp Gln Leu Val Thr
 50 55 60
 Leu Leu Thr Lys Glu Lys Glu Ser His Leu Gly Phe Asp Cys Leu Ile
 65 70 75 80
 Ser Asp Gly Asp Gly Phe Leu Val Glu Val Arg Lys Glu Ala Leu Asp
 85 90 95
 Trp Met Leu Arg Val Ile Ala His Tyr Gly Phe Thr Ala Met Thr Ala
 100 105 110
 Val Leu Ala Val Asn Tyr Phe Asp Arg Phe Val Ser Gly Leu Cys Phe
 115 120 125
 Gln Lys Asp Lys Pro Trp Met Ser Gln Leu Ala Ala Val Ala Cys Leu
 130 135 140
 Ser Ile Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp
 145 150 155 160
 Leu Gln Val Ala Asp Ser Arg Phe Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln
 165 170 175
 Arg Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Thr Leu Lys Trp Lys Met Asn Pro
 180 185 190
 Val Thr Pro Leu Ser Phe Ile Asp His Ile Met Arg Arg Phe Gly Phe
 195 200 205
 Met Thr Asn Leu His Leu Asp Phe Leu Arg Arg Cys Glu Arg Leu Ile
 210 215 220
 Leu Gly Ile Ile Thr Asp Ser Arg Leu Leu His Tyr Pro Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Ile Ala Thr Ala Val Val Tyr Phe Val Ile Asn Glu Ile Glu Pro Cys
 245 250 255
 Asn Ala Met Glu Tyr Gln Asn Gln Leu Met Thr Val Leu Lys Val Lys
 260 265 270
 Gln Asp Ser Phe Glu Glu Cys His Asp Leu Ile Leu Glu Leu Met Gly
 275 280 285
 Thr Ser Gly Tyr Asn Ile Cys Gln Ser Leu Lys Arg Lys His Gln Ser
 290 295 300
 Val Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala Tyr Phe Ser Cys Asp
 305 310 315 320
 Ser Ser Asn Asp Ser Trp Ser Val Ala Ser Ser Ile Ser Ser Ser Pro
 325 330 335
 Glu Pro Gln Tyr Lys Arg Ile Lys Thr Gln Asp Gln Thr Met Thr Leu
 340 345 350
 Ala Pro Leu Ser Ser Val Ser Val Val Gly Ser Ser Pro Arg
 355 360 365

<210> 38

<211> 1487

5 <212> ADN

<213> Nicotiana tabacum

<400> 38

```
gcacgagctt ccttcacaca accagataga gacaagaaca gagagattca tggaaatgcc      60
caagaagaat cactcttttg gtttcttggt ttatatataatg agaaagcaac acattttctt    120
cttttctcaa agaagatggg aatacaacac aatgagcata atcaagacca aacccaatct      180
ttccttttag atgctcttta ctgtgaagaa gaaagatggg aagaaacaat tgaagatgag      240
attttagaaa aagaagcaac actaccactt cctctgcctt tactagaaca agacttggtt      300
```

```
tgggaagatg aagagctact ctctcttttc acaaaagaaa aagaaacaat ttccaacttt      360
gaaactatta aaacagaccc tttactttgt ttatctcgta aagaagctgt gaaatggatt      420
cttaaagtaa atgctcatta tggattctca acattcactg ctattcttgc tattaattac      480
tttgataggt ttctttcaag tcttcatttt cagaaagata agccttggat gattcaactt      540
gtagctgtta cttgtctttc tttggctgct aaagtgaag aaactcaagt tcctcttctt      600
ttggacttcc aagtggagga tgcaaaatat gtggttgagg ccaaaactat tcaaagaatg      660
gagcttttgg tattgtcctc tttaaagtgg aggatgaatc ctgtaacccc actttcattt      720
gttgatcata taataagaag acttgggcta aagagccata tacactggga atttctcaag      780
cagtgtgaga gaattcttct tttggtcata gctgattgta gattcttaag ttatatgcct      840
tctgtattgg ctactgtcac tatgcttcac gttattcatc aagttgagcc ttgtaatgct      900
gctgactacc aaaatcaact tcttgagggt ctcaacatta gcaaggagaa ggtgaatgat      960
tgctatgaac ttataacaga ggtgtcttac aactctatct cacacaagcg caagtatgag     1020
agtccaataa atagcccaag tgctgttatt gatacatttt acagctctga aaactcaaat     1080
gaatcatggg atttgcaaac ttcttctctc attccatcca cttattcacc tcgtgatcaa     1140
tttttgcctt tgtttaagaa aagcagagtt caagaacagc aaatgagatt gacatcttta     1200
agcagagttt ttgtggatta tgctgttggc agccctcgct aatattattg acaatgacaa     1260
tgtattactc cttattatgt cctttttgca aattctactt tggaaagatg gaaaatgaaa     1320
agaggggata gttggtggtg gtggctgcag aggggttggtg tttgcagcac aatggggggg     1380
ttaagagaaa gaaggatagg taaatattca atgttctact gggagtaatc gttaattcaa     1440
ggaacattta gttaattttg gtttaagatc tctttggttg gtccccc      1487
```

<210> 39

<211> 368

5 <212> PRT

<213> *Nicotiana tabacum*

<400> 39

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

210	215	220
Ile Ala Asp Cys Arg	Phe Leu Ser Tyr Met	Pro Ser Val Leu Ala Thr
225	230	235
Ala Thr Met Leu His	Val Ile His Gln Val	Glu Pro Cys Asn Ala Ala
245	250	255
Asp Tyr Gln Asn Gln	Leu Leu Glu Val	Leu Asn Ile Ser Lys Glu Lys
260	265	270
Val Asn Asp Cys Tyr	Glu Leu Ile Thr	Glu Val Ser Tyr Asn Ser Ile
275	280	285
Ser His Lys Arg Lys	Tyr Glu Ser Pro	Ile Asn Ser Pro Ser Ala Val
290	295	300
Ile Asp Thr Phe Tyr	Ser Ser Glu Asn	Ser Asn Glu Ser Trp Asp Leu
305	310	315
Gln Thr Ser Ser Ser	Ile Pro Ser Thr	Tyr Ser Pro Arg Asp Gln Phe
325	330	335
Leu Pro Leu Phe Lys	Lys Ser Arg Val	Gln Glu Gln Met Arg Leu
340	345	350
Thr Ser Leu Ser Arg	Val Phe Val Asp	Tyr Ala Val Gly Ser Pro Arg
355	360	365

<210> 40

<211> 1714

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<400> 40

```

gtctctctcc ctccacctcc gctcctactc tgctgctcca ccacgaccaa aagccatgcc      60
tatgtctgtg ctgccgtctc cctcctcttc cgccattgcc gccacctgag ctgagctctt    120
gtactcgcta cgctactcaa gatggctttc gccacgctct ttgactccct ctactgcccc    180
gaggagcacc tcgacctctt ccatgacacc gccgcgcgacg acgacctcca cctcgacctt    240
cacctgcacc aacccccacc gccgccgcgcg ctctctcgacg acgacctgcc tgcgctgttc    300
cacgcgctca gggggaagga ggaccgctg cgccccgcgc cgcacgacga cggctacggc    360
ggggtgtctg cccgggagggc ggcggtcggg tgggcgctgc gcgccgtcgc gaggtcggc    420
ttctccgcgc tcacggccgc gctcgccgtc gcctacctcg accgctgctt cctcggcggc    480
gcgctccgcc tcggcgaccg cccctggatg gcgcgcctcg ccgccgtcgc ctgcgtcgcg    540
ctgcgcgcca aggtggagga gacgcgcgtg cccgtgctcc tcgacctcca gctctgcgcc    600
gccgaacgcg ccgaccccaa cgaggcctac gtgttcgagg acaagacggt gcgcgcgatg    660
gagctgctgg tgcctcgggc gctcgatgg cggtgaccc cctctcctac cctctcctac    720
ctccaacccc tctcggcac cgccacgcc gcgcgccttc accactgcga caccgcattg    780
ctcgcgctga tgcccgattg gaggtggcct cgccaccgcc cttcggcggtg ggccgcgcgcg    840
gcgttgctcg cgacggccgg atggtgcggc ggcggcgggc gcgacgacgc cgagctccta    900
gccctcatcg atgcccccaa ggatgagatg gcagagtgcg ccaagatcat ctccgaggag    960
gcggcgccgc gggcgccggg gggcattgtg atcgccggcg aaaataagcg caagggcgcg    1020
gcggggctgt actcggcgcc ggcgagcccg agcggcgtga tcggcgcgtc ggcctgcttc    1080
agctgcgaca gctcgtccag cagcgtcgac tcgctgttcg ccgccttgga gccaccgggc    1140
cggccgatca agcgaggtgc cgccgcgcgc accaccgcgc atccgcttc ccgcgacgag    1200
gagagccgcg acgctggcc gccgtacgcc gcatgagggt gctctggtcg gtatcgggaa    1260
ggggagaagc taaagcaagc cactaattaa gcttaggagg aggagggttc agtccaagaa    1320
aaagatgttc cattaacgca atgcaagaat gcaggtgcga aggggtaggt tcattcatgt    1380
agccattgat ggtctcttgg agctcagctc agcctcaacc tcaaccacc atagccatgg    1440
atggaggtga ggaagaagct gttttgtcct gtctgtcac tctgtggta ccaccactgt    1500
tagaaccatg cttcacactc tctctcttgt ttctctctct agagagaaga gagagagtat    1560
aaaggagtag gagtatgagg agtggcaaca atggcaatgg catcaaatgc tgcaattgcc    1620
cacttcccat gagcagctag agctacaaca gcagacctga ggctattgtg ctcacctctt    1680

```

cttcttccac cattaatgaa aatgcattac tacc

1714

<210> 41

<211> 364

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 41

```

Met Ala Phe Ala Thr Leu Phe Asp Ser Leu Tyr Cys Pro Glu Glu His
1      5      10      15
Leu Asp Leu Phe His Asp Thr Ala Ala Asp Asp Asp Leu His Leu Asp
20      25      30
Leu His Leu His Gln Pro Pro Pro Pro Pro Leu Leu Asp Asp Asp
35      40      45
Leu Pro Ala Leu Phe His Ala Leu Arg Gly Lys Glu Asp Pro Leu Arg
50      55      60
Pro Ala Ala Asp Asp Asp Gly Tyr Gly Gly Val Ser Ala Arg Glu Ala
65      70      75      80
Ala Val Gly Trp Ala Leu Arg Ala Val Ala Arg Leu Gly Phe Ser Ala
85      90      95
Leu Thr Ala Ala Leu Ala Val Ala Tyr Leu Asp Arg Cys Phe Leu Gly
100     105     110
Gly Ala Leu Arg Leu Gly Asp Arg Pro Trp Met Ala Arg Leu Ala Ala
115     120     125
Val Ala Cys Val Ala Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Arg Val Pro
130     135     140
Val Leu Leu Asp Leu Gln Leu Cys Ala Ala Glu Arg Ala Asp Pro Asn
145     150     155     160
Glu Ala Tyr Val Phe Glu Asp Lys Thr Val Arg Arg Met Glu Leu Leu
165     170     175
Val Leu Ser Ala Leu Gly Trp Arg Met His Pro Val Thr Pro Leu Ser
180     185     190
Tyr Leu Gln Pro Leu Leu Gly Thr Ala His Ala Ala Arg Leu His His
195     200     205
Cys Asp Thr Ala Leu Leu Ala Leu Met Pro Asp Trp Arg Trp Pro Arg
210     215     220
His Arg Pro Ser Ala Trp Ala Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ala Gly
225     230     235     240
Trp Cys Gly Gly Gly Gly Gly Asp Asp Ala Glu Leu Leu Ala Leu Ile
245     250     255
Asp Ala Pro Lys Asp Glu Met Ala Glu Cys Ala Lys Ile Ile Ser Glu
260     265     270
Glu Ala Ala Ala Ala Ala Gly Gly Ile Val Ile Gly Gly Glu Asn
275     280     285
Lys Arg Lys Gly Ala Ala Gly Leu Tyr Ser Ala Pro Ala Ser Pro Ser
290     295     300
Gly Val Ile Gly Ala Ser Ala Cys Phe Ser Cys Asp Ser Ser Ser Ser
305     310     315     320
Ser Val Asp Ser Leu Phe Ala Ala Leu Glu Pro Pro Gly Arg Pro Ile
325     330     335
Lys Arg Gly Ala Ala Ala Ala Thr Thr Ala Asp Pro Leu Pro Ala Asp
340     345     350
Glu Glu Ser Arg Asp Ala Trp Pro Pro Tyr Ala Ala
355     360

```

5

<210> 42

<211> 1628

<212> ADN

<213> *Pisum sativum*

10 <400> 42

```

gtggcgccg ctctagaact agtggatcag aacacaaaaa caaagagaaa aaaaaagatg 60
aatatgaaac tcttgattac tctccccttc tttctataat gaacaaagga ccacacaacc 120
tcttcttcat tgaagaagat ggcaatccat catcaccacc accatcatca acaactacac 180
cacaactctc ttcttgatgc tctttactgc gatgaagaaa aactcgaaga agaacaagaa 240
gacgtttcat ctcaacaaag tgatgtcaca acaacaatg acaacaacat cctagactcc 300
acttccctgt tccctcttct tctcctggaa caaaacctct tctctcaaga tgaagaactc 360
accacacttt tctccaaaga aaaaacccaa caagaaacgt actacgagga tctgaaaaat 420
gtcgtggatt ttgtttctct ctctcaacct cgtcgtgaag ctgttcaatg gatgcttaaa 480
gtcaatgctc attacgcctt ttcacctctc actgcaacac tcgctgttac ttactttgat 540
aggttccttc taaccttcca tttccaaaaa gataagccat ggatgattca gcttggtgct 600
gttacttgca tctcttttagc tgctaaagtt gaagaaactc aagttcctct cctcttagac 660
ctacaagtgc aagatactaa atatgtgttt gaagcaaaaa ctattcagag aatggagctt 720
ttgattctgt caacactgaa atggaagatg catcctgtga caccacactc ttttctagat 780
catataataa caaggcttgg tttgaaaact aatcttcatt gggagttttt aagacgctgt 840
gagaatcttc ttctatctgt acttttagat tcaagatttg ttggttgtgt tccctctgtg 900
ttggctactg ctacaatgct gcatgtgata gaccagattg aagagagtga tgataatggt 960
gtggactaca aaaaacagct tcttagtatt ctcaaaatca acaaggagaa agtggatgaa 1020
tgttataatg ctattgttga ggttactaat gaaaataatt atggtcataa acgaaaatat 1080
gaacaaatcc ctggaagtcc aagtggcgta attgatgctg tttttagtgc tgatgggtcc 1140
aatgattcat ggaaagtggg ttcatcctcg tattcaacct cagagcctgt ttttaagaaa 1200
acaaaaactc aagggcacaaa taggaatttg tcacctctta ataggggtcat tgttggaatt 1260
cttgccactg ctagtgtctac tacctctcct taatatcctc tctctgtcct ttataaaaaa 1320
aacaataaat aaccatattgc aaaaaatcta tatttattta gtatatatgg ttatgttgat 1380
gtttctaaga tctcttcatt tccaacaatg tccctaataa atctcttgaa gaggcagaga 1440
cagagaaaaga ggcaagatga aagaggagtg aaagaggaga ggacaaagt ggcaatgaag 1500
attatgtttt tttttttaat ttgaaggcac tttttattta ctattgaatg gttgttctct 1560
tctagaccat accaaatttg aacatattta tatgatattt ctataataaa ttgggataat 1620
ttttgttc
1628

```

<210> 43

<211> 384

<212> PRT

5 <213> Pisum sativum

<400> 43

```

Met Ala Ile His His His His His His Gln Gln Leu His His Asn
1          5          10          15
Ser Leu Leu Asp Ala Leu Tyr Cys Asp Glu Glu Lys Leu Glu Glu
20          25          30
Gln Glu Asp Val Ser Ser Gln Gln Ser Asp Val Thr Thr Asn Asn Asp
35          40          45
Asn Asn Ile Leu Asp Ser Thr Ser Leu Phe Pro Leu Leu Leu Leu Glu
50          55          60
Gln Asn Leu Phe Ser Gln Asp Glu Glu Leu Thr Thr Leu Phe Ser Lys
65          70          75          80
Glu Lys Thr Gln Gln Glu Thr Tyr Tyr Glu Asp Leu Lys Asn Val Val
85          90          95

```

Asp Phe Val Ser Leu Ser Gln Pro Arg Arg Glu Ala Val Gln Trp Met
 100 105 110
 Leu Lys Val Asn Ala His Tyr Ala Phe Ser Pro Leu Thr Ala Thr Leu
 115 120 125
 Ala Val Thr Tyr Phe Asp Arg Phe Leu Leu Thr Phe His Phe Gln Lys
 130 135 140
 Asp Lys Pro Trp Met Ile Gln Leu Val Ala Val Thr Cys Ile Ser Leu
 145 150 155 160
 Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln
 165 170 175
 Val Gln Asp Thr Lys Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met
 180 185 190
 Glu Leu Leu Ile Leu Ser Thr Leu Lys Trp Lys Met His Pro Val Thr
 195 200 205
 Pro His Ser Phe Leu Asp His Ile Ile Thr Arg Leu Gly Leu Lys Thr
 210 215 220
 Asn Leu His Trp Glu Phe Leu Arg Arg Cys Glu Asn Leu Leu Leu Ser
 225 230 235 240
 Val Leu Leu Asp Ser Arg Phe Val Gly Cys Val Pro Ser Val Leu Ala
 245 250 255
 Thr Ala Thr Met Leu His Val Ile Asp Gln Ile Glu Glu Ser Asp Asp
 260 265 270
 Asn Gly Val Asp Tyr Lys Asn Gln Leu Leu Ser Ile Leu Lys Ile Asn
 275 280 285
 Lys Glu Lys Val Asp Glu Cys Tyr Asn Ala Ile Val Glu Val Thr Asn
 290 295 300
 Glu Asn Asn Tyr Gly His Lys Arg Lys Tyr Glu Gln Ile Pro Gly Ser
 305 310 315 320
 Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala Val Phe Ser Ser Asp Gly Ser Asn Asp
 325 330 335
 Ser Trp Lys Val Gly Ser Ser Ser Tyr Ser Thr Ser Glu Pro Val Phe
 340 345 350
 Lys Lys Thr Lys Thr Gln Gly Gln Asn Arg Asn Leu Ser Pro Leu Asn
 355 360 365
 Arg Val Ile Val Gly Ile Leu Ala Thr Ala Ser Ala Thr Thr Ser Pro
 370 375 380

<210> 44

<211> 1491

<212> ADN

5 <213> Populus alba

<400> 44

gagaaagata	tgcaatatat	gcaaagagaa	gcctgagaga	tttttatctc	cctttttcat	60
ttttgatggt	gttctataat	gagaagagga	ttaaattctc	tcttctctga	agaagatgtc	120
tttcttacia	caacaagaga	ctcataatca	aagcccagca	ttggctcttg	acgggcttta	180
ctgtgaagag	gatggatttg	gagaggatta	ttcttgtggt	ttggatgatg	aaactagcca	240
ggtttatgat	caaaatgtga	aaaaggagca	aaatttatct	tctgttttgc	ttgagcaaga	300
cttgttttgg	gaagatagcg	agttactgtc	tttaattctc	aaagagaaag	agacctatgt	360
tggtttttgat	agtgtaggat	ctagagatgg	atctttaatg	gtggttcgta	gagaggcagt	420
tgagtggttt	ttgagggtaa	aggcacatta	tgggttcagt	gctttgactg	gtgttcttgc	480
tgtgaactac	tttgataggt	tcatttcaag	ttcaagggtt	cgaagagata	agccatggat	540
gggtcaactt	gctgctgtgg	cttgtttgtc	tctggctgct	aaagtggagg	aaacccaagt	600
gcctcttctt	ttagacttgc	aagtggagga	tgcaaagtac	gtttttgaag	ccaagaccat	660

```

aaagagaatg gagctgtggg tgctgtcaac tcttcattgg aggatgaatc ctgtaacctc 720
aatttctttc ttgatcaca ttataaggag acttggatta aagaccacaca tgcattggga 780
gtttttatgg aggtgtgagc gattgcttct ttctgtcatt tctgattcaa gggtcatgag 840
ttatcttctt tctatattag caactgagac aatgttgcac gttatcaagg aggttgagcc 900
acgtaatcaa ctgcaatacc aaactcagct catggctgtg ctaaaaacca atgaggatga 960
agtgaatgag tgttacaggc tcattttaga gcaaccaggc agccaaaacc aacgccacaa 1020
gcgcaagtac ctgtccacac ccagcagccc aaatggtgtc atcgatgcat ctttcagctc 1080
tgagaactca aatgattcgt gggctgtggc atcatcaatc tcatcatcat catcagtgcc 1140
tcaattcaaa agaagcaggg cccagggtta gcagatgcca ttgccttcac taaatcgtat 1200
gtgcgtggat gtgcttagca gtcctcatta gtctttcctt gtcttaatgc ctcgagctat 1260
cataatcttc ctgttttgcg tattaattgt tgtatgtgta agaggtacag acgttttatg 1320
aaactgaccc attcttggat gagaaatgag gtatctgtct tgctctctct ttgttcgaga 1380
gaggaatgaa gagattgtgg tgtttttcca ataggtatga acatgatgtc tgtatttcaa 1440
ccattgctct attaaatggt acatgattca ctaggaaaaa aaaaaaaaaa a 1491

```

<210> 45

<211> 371

<212> PRT

5 <213> Populus alba

<400> 45

```

Met Ser Phe Leu Gln Gln Glu Thr His Asn Gln Ser Pro Ala Leu
1          5          10          15
Ala Leu Asp Gly Leu Tyr Cys Glu Glu Asp Gly Phe Gly Glu Asp Tyr
20          25          30
Ser Cys Gly Leu Asp Asp Glu Thr Ser Gln Val Tyr Asp Gln Asn Val
35          40          45
Lys Lys Glu Gln Asn Leu Ser Ser Val Leu Leu Glu Gln Asp Leu Phe
50          55          60
Trp Glu Asp Ser Glu Leu Leu Ser Leu Ile Ser Lys Glu Lys Glu Thr
65          70          75          80
His Val Val Phe Asp Ser Val Gly Ser Arg Asp Gly Ser Leu Met Val
85          90          95
Val Arg Arg Glu Ala Val Glu Trp Phe Leu Arg Val Lys Ala His Tyr
100          105          110
Gly Phe Ser Ala Leu Thr Gly Val Leu Ala Val Asn Tyr Phe Asp Arg
115          120          125
Phe Ile Ser Ser Ser Arg Phe Arg Arg Asp Lys Pro Trp Met Gly Gln
130          135          140
Leu Ala Ala Val Ala Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr
145          150          155          160
Gln Val Pro Leu Leu Asp Leu Gln Val Glu Asp Ala Lys Tyr Val
165          170          175
Phe Glu Ala Lys Thr Ile Lys Arg Met Glu Leu Trp Val Leu Ser Thr
180          185          190
Leu His Trp Arg Met Asn Pro Val Thr Ser Ile Ser Phe Phe Asp His
195          200          205
Ile Ile Arg Arg Leu Gly Leu Lys Thr His Met His Trp Glu Phe Leu
210          215          220
Trp Arg Cys Glu Arg Leu Leu Leu Ser Val Ile Ser Asp Ser Arg Phe
225          230          235          240
Met Ser Tyr Leu Pro Ser Ile Leu Ala Thr Ala Thr Met Leu His Val
245          250          255
Ile Lys Glu Val Glu Pro Arg Asn Gln Leu Gln Tyr Gln Thr Gln Leu

```

```

      260      265      270
Met Ala Val Leu Lys Thr Asn Glu Asp Glu Val Asn Glu Cys Tyr Arg
      275      280      285
Leu Ile Leu Glu Gln Pro Gly Ser Gln Asn Gln Arg His Lys Arg Lys
      290      295      300
Tyr Leu Ser Thr Pro Ser Ser Pro Asn Gly Val Ile Asp Ala Ser Phe
305      310      315      320
Ser Ser Glu Asn Ser Asn Asp Ser Trp Ala Val Ala Ser Ser Ile Ser
      325      330      335
Ser Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Arg Ser Arg Ala Gln Val Gln
      340      345      350
Gln Met Arg Leu Pro Ser Leu Asn Arg Met Cys Val Asp Val Leu Ser
      355      360      365
Ser Pro His
      370

```

<210> 46

<211> 1405

<212> ADN

5 <213> Populus tremula x Populus tremuloides

<400> 46

```

ctggaagaag atggcatcaa tgtataaccc agaaacgagt gcggtacaag accaacaaca 60
aaaccctaca ttactttatg atgctctcta ttgttctgaa gagaattggg tggaagaagt 120
tagagaggac tggtttcaag atgaactaga aggagagagc tattgtagca acaatagcaa 180
taactaaac acttttccaa tattgctaga acaggactta agctgggaag acgaggagct 240
ttcctctttg tttgccaaag aggagcaaaa tcagctgtgc aaagacttag aaaccaaccc 300
gtctttggct agggctcgct gtgaggctgt agagtggatt ctaaagggtca atgaacacta 360
ctctttcacc gctctaactg cagttttggc agtgaactat cttgataggt ttttattcag 420
tgtccacctt cagaaagaga agccatggat ggcccaactt gcagctgtgt cttgcctctc 480
acttgctgcc aaagtggagg agacgcaagt gccccttcta ttggattttc aggtggagga 540
cagtaaatac gtgttcgagg ccaaaactat ccagagaatg gagatcctgg tgctttctac 600
tcttaaattg aagatgaatc cagtaacccc aatatcgttt cttgattaca tctactagaag 660
gcttgcccta gaacactatc tttgtttgga atttctcaag aggtgtgagc gcatggtcct 720
ctctatcttg gcagattcta ggtctatgcc ttatgttctt tctgtaatgg ccgctgccac 780
gatgctctat gttattgata acatagaacc cagtcttgca gcagaatacc aaagccagct 840
gttgagcatt cttggaatcg ataaagacaa ggtagaggat tgcagcaagt tcttaatgga 900
atttgctcta agagaccatt ttaagcttct ctcaaacaaa cgcaagtttt gtccacttcc 960
aggcagtcct agcgggtgtg ttgatgtgtc ttttagctca gacagctcaa atgattcatg 1020
gtctgtggca tcatcctgtg cttcatcacc aaagcctctg tccaagaaga gtagggcact 1080
gcagagtcta aacaacgcaa caacttcaga tttttctcag cattcctcgc cagtgcctta 1140
aaattactgt ttttccctaa tggaccacct cttgtacggg taataagtct tgtgcttttt 1200
caatgttcaa gttaaattgc ctgccatctc tgcttttcca gctcagacca atgcttagaa 1260
cgctgaaata ttgattgggt actgggaatt ggaagcagag atggttggca ttttaccgga 1320
aatgaagaac agaacagaac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agccgatgag gaagagttct 1380
ggtagtaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

<210> 47

<211> 376

10 <212> PRT

<213> Populus tremula x Populus tremuloides

<400> 47

```

Met Ala Ser Met Tyr Asn Pro Glu Thr Ser Ala Val Gln Asp Gln Gln

```

1				5					10				15		
Gln	Asn	Pro	Thr	Leu	Leu	Tyr	Asp	Ala	Leu	Tyr	Cys	Ser	Glu	Glu	Asn
			20					25					30		
Trp	Val	Glu	Glu	Val	Arg	Glu	Asp	Trp	Phe	Gln	Asp	Glu	Leu	Glu	Gly
		35					40					45			
Glu	Ser	Tyr	Cys	Ser	Asn	Asn	Ser	Asn	Lys	Leu	Asn	Thr	Phe	Pro	Ile
	50					55					60				
Leu	Leu	Glu	Gln	Asp	Leu	Ser	Trp	Glu	Asp	Glu	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu
65					70					75					80
Phe	Ala	Lys	Glu	Glu	Gln	Asn	Gln	Leu	Cys	Lys	Asp	Leu	Glu	Thr	Asn
				85					90					95	
Pro	Ser	Leu	Ala	Arg	Ala	Arg	Cys	Glu	Ala	Val	Glu	Trp	Ile	Leu	Lys
			100					105					110		
Val	Asn	Glu	His	Tyr	Ser	Phe	Thr	Ala	Leu	Thr	Ala	Val	Leu	Ala	Val
	115						120					125			
Asn	Tyr	Leu	Asp	Arg	Phe	Leu	Phe	Ser	Val	His	Leu	Gln	Lys	Glu	Lys
	130					135					140				
Pro	Trp	Met	Ala	Gln	Leu	Ala	Ala	Val	Ser	Cys	Leu	Ser	Leu	Ala	Ala
145					150					155					160
Lys	Val	Glu	Glu	Thr	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Asp	Phe	Gln	Val	Glu	
				165					170					175	
Asp	Ser	Lys	Tyr	Val	Phe	Glu	Ala	Lys	Thr	Ile	Gln	Arg	Met	Glu	Ile
			180					185					190		
Leu	Val	Leu	Ser	Thr	Leu	Lys	Trp	Lys	Met	Asn	Pro	Val	Thr	Pro	Ile
	195						200					205			
Ser	Phe	Leu	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Arg	Leu	Gly	Leu	Glu	His	Tyr	Leu
	210					215					220				
Cys	Leu	Glu	Phe	Leu	Lys	Arg	Cys	Glu	Arg	Met	Val	Leu	Ser	Ile	Leu
225					230					235					240
Ala	Asp	Ser	Arg	Ser	Met	Pro	Tyr	Val	Pro	Ser	Val	Met	Ala	Ala	Ala
				245					250					255	
Thr	Met	Leu	Tyr	Val	Ile	Asp	Asn	Ile	Glu	Pro	Ser	Leu	Ala	Ala	Glu
			260					265						270	
Tyr	Gln	Ser	Gln	Leu	Leu	Ser	Ile	Leu	Gly	Ile	Asp	Lys	Asp	Lys	Val
	275						280					285			
Glu	Asp	Cys	Ser	Lys	Phe	Leu	Met	Glu	Phe	Ala	Leu	Arg	Asp	His	Phe
	290					295					300				
Lys	Leu	Leu	Ser	Asn	Lys	Arg	Lys	Phe	Cys	Ser	Leu	Pro	Gly	Ser	Pro
305					310					315					320
Ser	Gly	Val	Val	Asp	Val	Ser	Phe	Ser	Ser	Asp	Ser	Ser	Asn	Asp	Ser
				325					330					335	
Trp	Ser	Val	Ala	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Ser	Pro	Lys	Pro	Leu	Ser	Lys
			340					345					350		
Lys	Ser	Arg	Ala	Leu	Gln	Ser	Leu	Asn	Asn	Ala	Thr	Thr	Ser	Asp	Phe
	355						360					365			
Ser	Gln	His	Ser	Ser	Pro	Val	Pro								
	370					375									

<210> 48

<211> 1152

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 48

```

atggccttag aagaggagga agagagtcaa aacgcaccgt tttgtgttct tgatgggtctt 60
ttctgtgagg aagagagtga gtttcacgaa caagtagatt tgtgcgacga gagtgttgaa 120
aagtttccct ttttaaactct gggtttgtct gatcatgata tgttgtggga tgatgatgag 180
ttatcaactt tgatttcgaa acaagaaccg tgtctttatg acgaaatctt agatgatgag 240
tttctgggtt tgtgtcgtga aaaggctctt gattggattt ttaaagtga atctcattat 300
gggtttaatt cattgacggc tcttttagct gttaattact tcgatagggt tattacaagc 360
aggaagtttc agacagataa gccatggatg tctcagctta ctgctttggc ttgtctgtct 420
ttagctgcta aggttgaaga gatccgtgtt ccttttctct tagattttca agtggagaa 480
gcaagatatg tctttgaagc taagactata cagagaatgg agcttcttgt tctgtctact 540
cttgactgga ggatgcatcc tgtgactcca atctcgtttt tcgatcacat tattcgacga 600
tacagcttta aatctcatca tcaattggag ttcttgagta gatgtgaatc tttattactc 660
tcattatttc ctgattcgag atttctgagt tttagtcctt ctgtgttagc cactgcaata 720
atggctctctg ttattagaga tttgaagatg tgtgacgaag ctgtatacca atctcagctc 780
atgactctac tcaaagttga ttccggagaag gtaaataaat gctatgagtt agtgtagac 840
cacagtccaa gcaagaaaag gatgatgaat tggatgcaac aaccgcctag tccgatcggg 900
gtgtttgatg cgtcattcag ttctgatagc tcgaatgagt cgtgggttgt gtctgcttct 960
gcttcagtgt cgtcttcacc atcttcagag cctttgctca agaggagaag agtgcagag 1020
cagcagatga ggctatcttc aataaaccga atgttttctg atgtgcttat agtagtcctc 1080
gctaaacca gctttcttgt acaaagtggg gatatcaca gcccgggcgg tcttctaggg 1140
ataacagggt aa 1152

```

<210> 49

<211> 383

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 49

```

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

```

```

      210                215                220
Asp Ser Arg Phe Leu Ser Phe Ser Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Ile
225                230                235                240
Met Val Ser Val Ile Arg Asp Leu Lys Met Cys Asp Glu Ala Val Tyr
      245                250                255
Gln Ser Gln Leu Met Thr Leu Leu Lys Val Asp Ser Glu Lys Val Asn
      260                265                270
Lys Cys Tyr Glu Leu Val Leu Asp His Ser Pro Ser Lys Lys Arg Met
275                280                285
Met Asn Trp Met Gln Gln Pro Ala Ser Pro Ile Gly Val Phe Asp Ala
290                295                300
Ser Phe Ser Ser Asp Ser Ser Asn Glu Ser Trp Val Val Ser Ala Ser
305                310                315                320
Ala Ser Val Ser Ser Ser Pro Ser Ser Glu Pro Leu Leu Lys Arg Arg
      325                330                335
Arg Val Gln Glu Gln Gln Met Arg Leu Ser Ser Ile Asn Arg Met Phe
      340                345                350
Phe Asp Val Leu Ile Val Val Leu Ala Lys Pro Ser Phe Leu Val Gln
355                360                365
Ser Gly Asp Ile Thr Ser Pro Gly Gly Leu Leu Gly Ile Thr Gly
370                375                380

```

<210> 50

<211> 1161

<212> ADN

5 <213> *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

<400> 50

```

atggctcttc accaccaata tcaacaagaa caacaacaag aatcaacaga tccccatttc      60
cttgtagact cacttttctg cgaagaagag aaatgggtag aagaagaaga ggacttaaata      120
gagagtagta taagtatcat caataataat ggaacaacaa caacaacaac aacaacaaca      180
tcatcagtag ttgaacttgt tccacttttg ttgttagaac aagacttggt ttgggaagat      240
gaagagctta tctctttggt tagaaaagaa caagataccc atcttggtat atcttctcaa      300
cttgattctg atccatctat tgctattgct cgtcgtgggg ttattgattg gatgttaagg      360
gtcaatgctc attatgcttt ctctgctctc actgcagttc tatctgttaa ttatcttgat      420
agattccttt caagttttaa gtttcagaaa gataaaccat ggatgattca acttgctgct      480
gttgcttggt tatctatagc tgctaaagtg gaagaaaccc aagttcctct tctattagac      540
tttcaagttg aagagactat gtatgtgttt gaagcaaaaa ctattcagag aatggagctt      600
ttgggtcttt ctactcttca ttggaagatg aatccagtaa cccctctttc ttttcttgat      660
cacattataa gaaggcttgg attgaaaaac catctacatt gggaattttt tagaagggtgt      720
gaaggctctc ttttgtctat aattgcagat tcaagggttg cttgttttct tccatctgtg      780
ttggctactt caacaatgct gcatgttata gaccaagttg agccttgtaa tgcaattgaa      840
tatcaaaacc agctaattggg cattcttaaa atcagcaagg ataaagtgga tgaatgttat      900
aaactcatac tggaatcaac attgagcttc aataggcatg gttacggcaa caaacgcaag      960
tttcaatcta tccaagtag cccaaatggt gtaattgatg catcattcag ttgcgagaat      1020
tcaaagatt catgggcatt ggcttcatct gttacatcat cccagaacc atttttcaag      1080
aagagcagag ctcaagacca acagatgaga ttaccatcct tcagtagagt gtttgtggat      1140
gttctaagca gtcctcctta a                                     1161

```

<210> 51

<211> 386

10 <212> PRT

<213> *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

<400> 51

```

Met Ala Leu His His Gln Tyr Gln Gln Glu Gln Gln Gln Glu Ser Thr
1      5      10      15
Asp Pro His Phe Leu Val Asp Ser Leu Phe Cys Glu Glu Glu Lys Trp
20      25      30
Val Glu Glu Glu Glu Asp Leu Asn Glu Ser Ser Ile Ser Ile Ile Asn
35      40      45
Asn Asn Gly Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ser Ser Val Val
50      55      60
Glu Leu Val Pro Leu Leu Leu Leu Glu Gln Asp Leu Phe Trp Glu Asp
65      70      75      80
Glu Glu Leu Ile Ser Leu Phe Arg Lys Glu Gln Asp Thr His Leu Val
85      90      95
Ile Ser Ser Gln Leu Asp Ser Asp Pro Ser Ile Ala Ile Ala Arg Arg
100      105      110
Gly Val Ile Asp Trp Met Leu Arg Val Asn Ala His Tyr Ala Phe Ser
115      120      125
Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser Val Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu Ser
130      135      140
Ser Phe Lys Phe Gln Lys Asp Lys Pro Trp Met Ile Gln Leu Ala Ala
145      150      155      160
Val Ala Cys Leu Ser Ile Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro
165      170      175
Leu Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu Glu Thr Met Tyr Val Phe Glu Ala
180      185      190
Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Val Leu Ser Thr Leu His Trp
195      200      205
Lys Met Asn Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe Leu Asp His Ile Ile Arg
210      215      220
Arg Leu Gly Leu Lys Asn His Leu His Trp Glu Phe Phe Arg Arg Cys
225      230      235      240
Glu Gly Leu Leu Leu Ser Ile Ile Ala Asp Ser Arg Phe Ala Cys Phe
245      250      255
Leu Pro Ser Val Leu Ala Thr Ser Thr Met Leu His Val Ile Asp Gln
260      265      270
Val Glu Pro Cys Asn Ala Ile Glu Tyr Gln Asn Gln Leu Met Gly Ile
275      280      285
Leu Lys Ile Ser Lys Asp Lys Val Asp Glu Cys Tyr Lys Leu Ile Leu
290      295      300
Glu Ser Thr Leu Ser Phe Asn Arg His Gly Tyr Gly Asn Lys Arg Lys
305      310      315      320
Phe Gln Ser Ile Pro Ser Ser Pro Asn Gly Val Ile Asp Ala Ser Phe
325      330      335
Ser Cys Glu Asn Ser Asn Asp Ser Trp Ala Leu Ala Ser Ser Val Thr
340      345      350
Ser Ser Pro Glu Pro Phe Phe Lys Lys Ser Arg Ala Gln Asp Gln Gln
355      360      365
Met Arg Leu Pro Ser Phe Ser Arg Val Phe Val Asp Val Leu Ser Ser
370      375      380
Pro Pro
385

```

<210> 52

<211> 1116

<212> ADN

5 <213> Camellia sinensis

<400> 52

```

atggetcaac cccaacccca accccaaccc caaccccaac aacagcaaca aaatcttcca    60
tttgtttttag atgctctgta ttgccaagaa caacatttgg agggaggaga gacagaggac    120
tacttcgatt cagaagagga agattgtcat tacagtgata atattgttag ccctaagcct    180
ccacagctac tggacaaga cctgttctgg gaagacgaag agttgacctc tttgctgtca    240
aaagaacaag aaaacccctt attccatagt ctcgaaacag acccatcttt ggggtggggct    300
cggagagccg ccgtggagtg gttgctgaag gtcaacgccc actactcatt ctctgctctc    360
acggcggtcc tcgccgtgaa ctacctcgat aggttcctct tcagcttcca tttccagaga    420
gagaaacccat ggatgaccca acttgctgct gtggttggc tctctcttgc tgccaaagtt    480
gaggagactg aagtcctact cctattagac ctccaggtgg aagatagtag gtatgttttt    540
gaggctaaaa caattcagag aatggagatg ctgatactat caactcttca atggaagatg    600
aatcctgtga ctccactctc atttcttgat cacattacaa ggaggttagg tttgaagaac    660
agactttgtt gtgaattttct caagagatgc gagtcaatcc tcctctgtat catttctgat    720
tctaggttca tgctttatct tccctccgta ttatccactg ccacaatgct gctcgttttt    780
agtagtctag agcctgtct cgcagtagaa taccaaaacc aactctggg tattcttcaa    840
atcgacaagg acaaagtggg ggattgctat aagttaatgc tagaatcaac atcaggaatt    900
caccaatcca acaaacgaaa gttccgatca atgcccggca gcccaaattg tgtcacagat    960
gtttgtttca gctccgacag ctcgaaacgac tcgtggggcg tgacatcctc ggcatctgct 1020
tcggcgctcg tctgttctct gccggagcca ttgtcaaaga agagcagagc tcaggaccat 1080
aatgcaactg cagatattct gagcttccat tgctag    1116

```

<210> 53

<211> 371

<212> PRT

5 <213> Camellia sinensis

<400> 53

```

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

```

Leu Ser Thr Leu Gln Trp Lys Met Asn Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe
 195 200 205
 Leu Asp His Ile Thr Arg Arg Leu Gly Leu Lys Asn Arg Leu Cys Cys
 210 215 220
 Glu Phe Leu Lys Arg Cys Glu Ser Ile Leu Leu Cys Ile Ile Ser Asp
 225 230 235 240
 Ser Arg Phe Met Leu Tyr Leu Pro Ser Val Leu Ser Thr Ala Thr Met
 245 250 255
 Leu Leu Val Phe Ser Ser Leu Glu Pro Cys Leu Ala Val Glu Tyr Gln
 260 265 270
 Asn Gln Leu Leu Gly Ile Leu Gln Ile Asp Lys Asp Lys Val Glu Asp
 275 280 285
 Cys Tyr Lys Leu Met Leu Glu Ser Thr Ser Gly Ile His Gln Ser Asn
 290 295 300
 Lys Arg Lys Phe Arg Ser Met Pro Gly Ser Pro Asn Cys Val Thr Asp
 305 310 315 320
 Val Cys Phe Ser Ser Asp Ser Ser Asn Asp Ser Trp Ala Val Thr Ser
 325 330 335
 Ser Ala Ser Ala Ser Ala Ser Val Cys Ser Ser Pro Glu Pro Leu Ser
 340 345 350
 Lys Lys Ser Arg Ala Gln Asp His Asn Ala Thr Ala Asp Ile Leu Ser
 355 360 365
 Phe His Cys
 370

<210> 54

<211> 1119

<212> ADN

5 <213> Camellia sinensis

<400> 54

```

atgaagagga tgtctcctta cccagagcaa gactcacatc tacagaaccc aatgtttgtc 60
tttgacggtc tctactgtga agaagagcat tttgaggatg atttgggaga gtatggtttg 120
gaacaaggga gtgacaactg cgatgagaat gtgaaaggac ctttagtttt cttggaacat 180
gactgggatt gggatgatga tgagcttggt tctttaattt ccaaagagaa agagacccat 240
ttgggtctga gtgttttgaa ctcagacgag tccttaatgg tggcaaggag agaatctgtt 300
gattggattt taagggtcat tgctcactat gggttctactg ttttgaccac tgttttagca 360
gttaactact ttgatagatt catttcaagc ctttcatttc agagagagaa gccatggatg 420
agtcaacttg ttgtctgtgc ttgtctctct ttagctgcca aagttgagga gaccaagtg 480
ccccttctct tagacttcca agtggaggaa tcaaagtgtg tgtttgaagc caagacaatc 540
cagagaatgg agcttctggt gctatctact cttcaatgga agatgaatcc tgtgacccca 600
ctttcatttg ttgatcacat tgtgaggagg tttggattta agacaaattt gcatttggag 660
ttctgttggg ggtgtgagcg cttcttctct tctgccatca ctgattcaag gtttgggtgt 720
tatcttctct ctgtattggc tgctgcaaca atgttacatg ttatcaaaga ggttgagcct 780
tctaattgat tggactgtca aaatgagctt atggatgttc tcaaatgag caaggacaaa 840
gtagatgatt gctacaaact catcctcgaa ctgcctggca acaacagtca aatgcaatgc 900
caaaccaca agcgcaagta tcagtccata cccaacagcc caaatgggtg catcgatgtg 960
aatttcagct gcgatagctc gaacgattct tgggcagtga catcctcagt ttcacatca 1020
ccagaacccc tgttcaagaa gagcagagtt catggtcagc agatgagatt ggctccatta 1080
aggcatatgt ctgtgggtgt agttggcagc cctcgtaa 1119

```

<210> 55

<211> 372

10 <212> PRT

<213> Camellia sinensis

<400> 55

```

Met Lys Arg Met Ser Pro Tyr Pro Glu Gln Asp Ser His Leu Gln Asn
1      5      10      15
Pro Met Phe Val Phe Asp Gly Leu Tyr Cys Glu Glu Glu His Phe Glu
20      25      30
Asp Asp Leu Gly Glu Tyr Gly Leu Glu Gln Gly Ser Asp Asn Cys Asp
35      40      45
Glu Asn Val Lys Gly Pro Leu Val Phe Leu Glu His Asp Trp Asp Trp
50      55      60
Asp Asp Asp Glu Leu Val Ser Leu Ile Ser Lys Glu Lys Glu Thr His
65      70      75      80
Leu Gly Leu Ser Val Leu Asn Ser Asp Glu Ser Leu Met Val Ala Arg
85      90      95
Arg Glu Ser Val Asp Trp Ile Leu Arg Val Ile Ala His Tyr Gly Phe
100     105     110
Thr Val Leu Thr Thr Val Leu Ala Val Asn Tyr Phe Asp Arg Phe Ile
115     120     125
Ser Ser Leu Ser Phe Gln Arg Glu Lys Pro Trp Met Ser Gln Leu Val
130     135     140
Ala Val Ala Cys Leu Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val
145     150     155     160
Pro Leu Leu Leu Asp Phe Gln Val Glu Glu Ser Lys Phe Val Phe Glu
165     170     175
Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Thr Leu Gln
180     185     190
Trp Lys Met Asn Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe Val Asp His Ile Val
195     200     205
Arg Arg Phe Gly Phe Lys Thr Asn Leu His Leu Glu Phe Leu Trp Arg
210     215     220
Cys Glu Arg Leu Leu Leu Ser Ala Ile Thr Asp Ser Arg Phe Gly Cys
225     230     235     240
Tyr Leu Pro Ser Val Leu Ala Ala Ala Thr Met Leu His Val Ile Lys
245     250     255
Glu Val Glu Pro Ser Asn Val Leu Asp Cys Gln Asn Glu Leu Met Asp
260     265     270
Val Leu Lys Met Ser Lys Asp Lys Val Asp Asp Cys Tyr Lys Leu Ile
275     280     285
Leu Glu Leu Pro Gly Asn Asn Ser Gln Met Gln Cys Gln Thr His Lys
290     295     300
Arg Lys Tyr Gln Ser Ile Pro Asn Ser Pro Asn Gly Val Ile Asp Val
305     310     315     320
Asn Phe Ser Cys Asp Ser Ser Asn Asp Ser Trp Ala Val Thr Ser Ser
325     330     335
Val Ser Ser Ser Pro Glu Pro Leu Phe Lys Lys Ser Arg Val His Gly
340     345     350
Gln Gln Met Arg Leu Ala Pro Leu Arg His Met Ser Val Gly Val Val
355     360     365
Gly Ser Pro Arg
370

```

<210> 56

<211> 1128

<212> ADN

5 <213> Citrus sinensis

<400> 56

```

atggcatttg gagatgaaca atacccttct tcattcttgc ttgatgcact ctattgtgaa 60
gaagaagagt tagaagatga gggtattgac caagaagatg atgaatgtag ccaaaacaaa 120
aaccagctt gtttgttttc acttcttttg ttagaacaag acttggtctg ggaagatgaa 180
gagctcttgt ctctcttctc caaagaagag caacagcttt taaagcaaga aacacaaacc 240
cattataaag attccgatgt tcttgttgtt gctaggagtg aggctgttga gtgggtgctc 300
aaagttaatg ctcatatagg gttctctact ctactgcaa tactggctat taactatctg 360
gataggttcc tccgtagctt ccattttcaa atagataagc cttggatgat tcagcttttg 420
gctgtcactt gtctctccct ggctgctaaa gttgaagaaa cccaagtgcc ctttctctta 480
gaccttcaag ttgagggggc aaaatatgtt tttgagacca aagccataca aagaatggag 540
cttttggtgc tctcaacact tgaatggaag atgcatccag tgactccaat ttcatttctt 600
gaccacatca taagaaggct tggattgaag acatctcttc actgggagtt tctcaagaga 660
tgtgagcgtc tgcttctcac tttgttctct gattcaagat ctgtaagtta ccttccttca 720
gtgttggtcca ctgccacaat gatgcacata atagaccaag ttgagcctgt gaatcccgtt 780
gattatcaaa accagcttct aggtgtgctt aaaataagca aggaaaaagt aagtgactgt 840
tacaagttga ttcttgagct ggctaattgca aaaaccaatg ctaatagtaa tcctcacaag 900
cgcaagtttg aagcaatccc tggaagccct ggtggcgtga ttgatgctac tgtgttttagc 960
tgtgatgaaa gctcaaacga ttcatggtca gtggcatcat catcagtcct atcatcacca 1020
tcgtcaccag agcctctctt caaaaagagc agagtccaag acccacaat gactttgcca 1080
atgccatctc tcaatctcaa tagggtcatt gtgggcagtc caagttga 1128

```

<210> 57

<211> 375

<212> PRT

5 <213> Citrus sinensis

<400> 57

```

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

```

```

Pro Val Thr Pro Ile Ser Phe Leu Asp His Ile Ile Arg Arg Leu Gly
    195                200                205
Leu Lys Thr Ser Leu His Trp Glu Phe Leu Lys Arg Cys Glu Arg Leu
    210                215                220
Leu Leu Thr Leu Val Ser Asp Ser Arg Ser Val Ser Tyr Leu Pro Ser
    225                230                235                240
Val Leu Ala Thr Ala Thr Met Met His Ile Ile Asp Gln Val Glu Pro
    245                250                255
Val Asn Pro Val Asp Tyr Gln Asn Gln Leu Leu Gly Val Leu Lys Ile
    260                265                270
Ser Lys Glu Lys Val Ser Asp Cys Tyr Lys Leu Ile Leu Glu Leu Ala
    275                280                285
Asn Ala Lys Thr Asn Ala Asn Ser Asn Pro His Lys Arg Lys Phe Glu
    290                295                300
Ala Ile Pro Gly Ser Pro Gly Gly Val Ile Asp Ala Thr Val Phe Ser
    305                310                315                320
Cys Asp Glu Ser Ser Asn Asp Ser Trp Ser Val Ala Ser Ser Ser Val
    325                330                335
Leu Ser Ser Pro Ser Ser Pro Glu Pro Leu Phe Lys Lys Ser Arg Val
    340                345                350
Gln Asp Pro Gln Met Thr Leu Pro Met Pro Ser Leu Asn Leu Asn Arg
    355                360                365
Val Ile Val Gly Ser Pro Ser
    370                375

```

<210> 58

<211> 1191

<212> ADN

5 <213> Glycine max

<220>

<221> misc_feature

<222> (117)..(117)

<223> n e s a, c, g, o t

10 <400> 58

```

atggcaattc agcaccacaa tgaacaacta gagcataatg aaaatgtctc atctgtcctt    60
gatgcccttt actgcatga aggaaagtgg gaggatgaag aggaggagga agaagantat    120
gaagaaagtg aagtaacaac aaacactgga acttctcttt tccctctgct catgttggag    180
caagacttgt tctgggaaga tgaggaacta aactctctct ttccaaaga gaaggttcaa    240
catgaagaag cctatgacta taacaatctg aacagtgatg ataatagcaa tgatcacagt    300
aataataaca ataatgtgct gtcggactct tgtctctctc agcctcgtcg tgaggcagtg    360
gaatggatac tgaaagtcaa tgctcactat ggattctctg ctctcactgc aacactggcc    420
gttacttacc tggataggtt cttctaagc ttccattttc aaaggagaa gccatggatg    480
atccagcttg tggctgtcac ttgcatctct ttggctgcaa aagttgaaga aactcaagtg    540
cctcttctct tggaccttca agtgcaagac acaaagtatg tgtttgaggc aaagactatt    600
cagagaatgg agctcctggt gctgtccacc ctcaaattga agatgcaccc cgtgacaccc    660
ctctccttct tagatcacat tataagaagg ctggattga aaacacatct tcaactgggag    720
tttctcaggc gctgtgagca tcttcttttg tctgtgcttt tagattcaag atttgttggg    780
tgtcttcctt ctgtgttggc cactgcaaca atgctgcatg ttatagacca gattaacac    840
aatggtggga tggatacaaa aactcagctt ctgagtgttc tcaaaattag caaggagaaa    900
gtagatgagt gttataatgc aattctccaa ctctcaaagg ccaataaata tggtcataac    960
aacatcaaca acactagcaa gcgcaagtat gagcaaattc caagcagccc aagtggcgta   1020
attgatgctg cattttgctc tgatggttcc aacgattcgt gggcagtggt gtcattcatt   1080

```

```

tttatattcac caccagagcc tctcttcaag aagagcagaa cccaaggaca acaaatgaat    1140
ttgtcaccac ttaaacggtt cattatcgga attgttggca cccctcctta a              1191

```

<210> 59

<211> 396

<212> PRT

5 <213> Glicina max

<220>

<221> misc_feature

<222> (39)..(39)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de ocurrencia natural

10 <400> 59

```

Met Ala Ile Gln His His Asn Glu Gln Leu Glu His Asn Glu Asn Val
1      5      10      15
Ser Ser Val Leu Asp Ala Leu Tyr Cys Asp Glu Gly Lys Trp Glu Asp
      20      25      30
Glu Glu Glu Glu Glu Glu Xaa Tyr Glu Glu Ser Glu Val Thr Thr Asn
      35      40      45
Thr Gly Thr Ser Leu Phe Pro Leu Leu Met Leu Glu Gln Asp Leu Phe
      50      55      60
Trp Glu Asp Glu Glu Leu Asn Ser Leu Phe Ser Lys Glu Lys Val Gln
      65      70      75      80
His Glu Glu Ala Tyr Asp Tyr Asn Asn Leu Asn Ser Asp Asp Asn Ser
      85      90      95
Asn Asp His Ser Asn Asn Asn Asn Asn Val Leu Ser Asp Ser Cys Leu
      100      105      110
Ser Gln Pro Arg Arg Glu Ala Val Glu Trp Ile Leu Lys Val Asn Ala
      115      120      125
His Tyr Gly Phe Ser Ala Leu Thr Ala Thr Leu Ala Val Thr Tyr Leu
      130      135      140
Asp Arg Phe Leu Leu Ser Phe His Phe Gln Arg Glu Lys Pro Trp Met
      145      150      155      160
Ile Gln Leu Val Ala Val Thr Cys Ile Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu
      165      170      175
Glu Thr Gln Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Gln Asp Thr Lys
      180      185      190
Tyr Val Phe Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val Leu
      195      200      205
Ser Thr Leu Lys Trp Lys Met His Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe Leu
      210      215      220
Asp His Ile Ile Arg Arg Leu Gly Leu Lys Thr His Leu His Trp Glu
      225      230      235      240
Phe Leu Arg Arg Cys Glu His Leu Leu Leu Ser Val Leu Leu Asp Ser
      245      250      255
Arg Phe Val Gly Cys Leu Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Thr Met Leu
      260      265      270
His Val Ile Asp Gln Ile Lys His Asn Gly Gly Met Glu Tyr Lys Thr
      275      280      285
Gln Leu Leu Ser Val Leu Lys Ile Ser Lys Glu Lys Val Asp Glu Cys
      290      295      300
Tyr Asn Ala Ile Leu Gln Leu Ser Lys Ala Asn Lys Tyr Gly His Asn
      305      310      315      320

```

```

Asn Ile Asn Asn Thr Ser Lys Arg Lys Tyr Glu Gln Ile Pro Ser Ser
      325      330      335
Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala Ala Phe Cys Ser Asp Gly Ser Asn Asp
      340      345      350
Ser Trp Ala Val Gly Ser Ser Leu Leu Tyr Ser Pro Pro Glu Pro Leu
      355      360      365
Phe Lys Lys Ser Arg Thr Gln Gly Gln Gln Met Asn Leu Ser Pro Leu
      370      375      380
Lys Arg Phe Ile Ile Gly Ile Val Gly Thr Pro Pro
      385      390      395

```

<210> 60

<211> 1125

5 <212> ADN

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 60

```

atggcaatac agcaatatga acagcagcaa caacaaccag agaatcaccc ttccttcttg 60
ctagatgctc tctactgtga ggaagaagcg gatgcagggg aagttttaga ggaagagagt 120
tcttggtgtg gctgtaacaa tggcggaaac ccttcatttt tcccactgtt gttgttagag 180
caggatttgt tttgggaaga cggggagcct ctttcacttt ttgctaaaga aacagagcag 240
cagccgtctt gtttcaatgt gggaaccgat gagtccctag caatggctcg ccgagaggct 300
gccgagtggg tgcttaaaagt caatgctcga ttgggattct ccactctcac ggctgtactt 360
tccattaact atttggacag gttcttaagt acctttcagt ttcaaagaga taatccttgg 420
atgatccaac ttctgggtgt cacttgtctc tctttggctg caaaagttga agagacacaa 480
gtgcctctgc tcctagacct acaagtggag gagacaaagt atgttttcga ggccaaaact 540
atccaaagaa tggagctttt ggtgctctcc acactgaaat ggaagatgca tccaattaca 600
cccctttcat ttctagatca catcataaga agactggggt tgaaaacca cctccattgg 660
gagtttctta agcgatgtga gcgtctctc ctctgtgtaa tctctgatgc aagatccatc 720
cattatcttc cctctgtatt ggctactgca accatgatgc acgtcataga ccaagttgag 780
cttttcaatc ccattgacta ccaaaatcag ctgctgagtg ttcttaaaat tagcaaggaa 840
aaagtaaacg attgttacaa gctcctcctt gatgtatcaa caagaccca ggcccaaggc 900
aatgggtggt catgtaagag gaagggtggg gagaggggtc ctagcagccc tagtggagtg 960
attgatgctg catttggcag tgatagctcg agcgattctt ggggcacggg gtccttatcg 1020
cctgagcagc agccaccttt taagaagagc agagcccaag agcaagtaat gcgtttgcca 1080
tactcaacc gagtctttgt agacattgtt ggcagccctt cttaa 1125

```

<210> 61

<211> 374

<212> PRT

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 61

```

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

```

[illegible]

<210> 62

<211> 1173

<212> ADN

5 <213> Lotus corniculatus

<400> 62

atggcaatcc	atcaacatca	tcacaacaat	gtcattgacc	agctagaaca	aatgaaaaat	60
gtttcttctg	tcttgatgc	tctttactgt	gatgaagaaa	aatgggagga	agaggaagta	120
gaacaagtgg	ttggagagtt	atctgaagaa	gaacaagtgt	atgtgacaac	aaacaatgac	180
cctaacaaca	cttgttctct	gtttccctcg	cttttgttgg	agcaagaact	gttctgggaa	240
gatgaagaac	tcaactctct	tctctccaaa	gagaagatct	aacaccaaaa	ctattataat	300
gatgtgaact	cggacccttt	tctctctcag	cctcgtcatg	aggcagtga	atggatgctt	360
aaagtcaatg	ctcattatgg	attctctgct	ctcactgcaa	cacttgctgt	tacctacttt	420
gataacttcc	ttttgagctt	ccattttcaa	agtgaagaag	catggtatga	ccagctctgt	480
gctgttactt	gcattctctt	ggcagcttaa	tttgaagaaa	cccaagtgcc	acttctctta	540
gaccttcaag	ttgcaagatgc	taagtttgtg	gttgaggcaa	agaccattct	gaaaatggag	600

```

cttctgggttc tgtccacact caaatggaag atgcacacctg tgactccact ttcatttctg 660
gatcacatta tcagaaggct tggattgaaa acacaccttc attgggagtt tctcaggcgc 720
tgtgagcatc ttcttttgtc tgtgctttta gattcaagat ttgttggtgt tcttccttct 780
gtggttgcca ctgcaacaat gctgcatgtt atagaccaga ttgagaagag tgatgggggtg 840
gaatacaaaa agcagcttct ggggtgttctc aaaattaaca aggggaaagt agatgaatgc 900
tatgatgcca tgcttgagct taaaaatgcc aatgattatg atgataacaa gaagcttaat 960
aagcgcaagt atgaggaaat aatccctggt agcccaagtg gcgtcattga tgccgcattt 1020
aactctgatg gttccaacga ttctgtggaca gtgggggtcat cattgttttc atcctcaggc 1080
ccagagtctc ctctgttcaa gaaaagcaga acccaaatga aattgtcacc acttaacagg 1140
gtcattgttg gaattgttag cacttcacct tga 1173

```

<210> 63

<211> 390

<212> PRT

5 <213> Lotus corniculatus

<400> 63

```

Met Ala Ile His Gln His His His Asn Asn Val Ile Asp Gln Leu Glu
1          5          10          15
Gln Asn Glu Asn Val Ser Ser Val Leu Asp Ala Leu Tyr Cys Asp Glu
20          25          30
Glu Lys Trp Glu Glu Glu Glu Val Glu Gln Val Val Gly Glu Leu Ser
35          40          45
Glu Glu Glu Thr Ser Asp Val Thr Thr Asn Asn Asp Pro Asn Asn Thr
50          55          60
Cys Ser Leu Phe Pro Leu Leu Leu Glu Gln Asp Leu Phe Trp Glu
65          70          75          80
Asp Glu Glu Leu Asn Ser Leu Phe Ser Lys Glu Lys Ile Gln His Gln
85          90          95
Asn Tyr Tyr Asn Asp Val Asn Ser Asp Pro Phe Leu Ser Gln Pro Arg
100          105          110
His Glu Ala Val Lys Trp Met Leu Lys Val Asn Ala His Tyr Gly Phe
115          120          125
Ser Ala Leu Thr Ala Thr Leu Ala Val Thr Tyr Phe Asp Asn Phe Leu
130          135          140
Leu Ser Phe His Phe Gln Ser Glu Lys Pro Trp Met Ile Gln Leu Ala
145          150          155          160
Ala Val Thr Cys Ile Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val
165          170          175
Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Gln Asp Ala Lys Phe Val Phe Glu
180          185          190
Ala Lys Thr Ile Leu Lys Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Thr Leu Lys
195          200          205
Trp Lys Met His Pro Val Thr Pro Leu Ser Phe Leu Asp His Ile Ile
210          215          220
Arg Arg Leu Gly Leu Lys Thr His Leu His Trp Glu Phe Leu Arg Arg
225          230          235          240
Cys Glu His Leu Leu Ser Val Leu Leu Asp Ser Arg Phe Val Gly
245          250          255
Val Leu Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Thr Met Leu His Val Ile Asp
260          265          270
Gln Ile Glu Lys Ser Asp Gly Val Glu Tyr Lys Lys Gln Leu Leu Gly
275          280          285
Val Leu Lys Ile Asn Lys Gly Lys Val Asp Glu Cys Tyr Asp Ala Met

```

```

      290      295      300
Leu Glu Leu Thr Asn Ala Asn Asp Tyr Asp Asp Asn Lys Lys Leu Asn
305      310      315      320
Lys Arg Lys Tyr Glu Glu Ile Ile Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ile
      325      330      335
Asp Ala Ala Phe Asn Ser Asp Gly Ser Asn Asp Ser Trp Thr Val Gly
      340      345      350
Ser Ser Leu Phe Ser Ser Ser Gly Pro Glu Ser Pro Leu Phe Lys Lys
      355      360      365
Ser Arg Thr Gln Met Lys Leu Ser Pro Leu Asn Arg Val Ile Val Gly
      370      375      380
Ile Val Ser Thr Ser Pro
385      390

```

<210> 64

<211> 1161

<212> ADN

5 <213> Medicago trunculata

<400> 64

```

atggctatcc atcatcatca tcacaatcac caacaacttc aacaacacac ttcttctctt      60
tttgatgcac ttactgtga tgaagaagaa aaatgggaag atgatgatga aggagaagtt      120
gtagatgaag gagcaciaaag tgatgtcaca acaacaaact atgatataatt ggactctact      180
tcccttttac ctctgctttt gttagaacag aacttggtca atgaagatga agaactcaac      240
actcttttct ccaaagagat aactcaacaa gaaacatatt acgaggatct gaaaaatgtg      300
atcaactttg actcactctc tcaaccacgt cgtgaagctg ttgaatggat gcttaaagtc      360
aatgctcatt atggtttctc tgctctcact gcaacacttg ctgttaacta tcttgatagg      420
tttcttttaa gcttccattt ccaaaaagag aaaccatgga tgattcagct tgttgctggt      480
acttgcatct ctttagctgc taaagttgaa gaaactcaag ttctcttctt ctttagacctt      540
caagtgcagg atactaaata tgtgtttgag gcaaagacta ttcagagaat ggagctattg      600
attctgtcaa cactgaaatg gaagatgcat ccagtgcaca cacactcttt tctagatcac      660
attataagaa ggcttggtat gaaaactaat cttcattggg agtttcttag gcgctgtgag      720
aatcttctct tatctgtact tttagattca agatttgttg gttgtgttcc ttctgtgttg      780
gccactgcta caatgttgca tgttatagac cagattgaac agagtgatga taatggtgtg      840
gattacaaaa atcagcttct taatgttctc aaaatcagca aggagaaagt tgatgaatgt      900
tataatgcga ttcttcatct taaaaatgca aataattatg gtcataaacg aaaatatgaa      960
gaaatccctg gtagtccaag tggcgtaatt gatgctgttt ttagttctga tgggttctaac     1020
gattcgtgga cagtgggagc atcatcatat tcaacctcag agcctgtgtt taagaagacc     1080
aagaatcaag gacaaaatat gaatttgtca ccgattaaca gggtcattgt cggaattctt     1140
gccactgcaa cctctcctta a                                     1161

```

<210> 65

<211> 386

10 <212> PRT

<213> Medicago trunculata

<400> 65

```

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

```

50	55	60
Leu Leu Leu Leu Glu Gln Asn Leu Phe Asn Glu Asp Glu Glu Leu Asn		
65	70	75
Thr Leu Phe Ser Lys Glu Ile Thr Gln Gln Glu Thr Tyr Tyr Glu Asp		80
	85	90
Leu Lys Asn Val Ile Asn Phe Asp Ser Leu Ser Gln Pro Arg Arg Glu		95
	100	105
Ala Val Glu Trp Met Leu Lys Val Asn Ala His Tyr Gly Phe Ser Ala		110
	115	120
Leu Thr Ala Thr Leu Ala Val Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu Leu Ser		125
	130	135
Phe His Phe Gln Lys Glu Lys Pro Trp Met Ile Gln Leu Val Ala Val		140
	145	150
Thr Cys Ile Ser Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln Val Pro Leu		155
	165	170
Leu Leu Asp Leu Gln Val Gln Asp Thr Lys Tyr Val Phe Glu Ala Lys		175
	180	185
Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Ile Leu Ser Thr Leu Lys Trp Lys		190
	195	200
Met His Pro Val Thr Thr His Ser Phe Leu Asp His Ile Ile Arg Arg		205
	210	215
Leu Gly Leu Lys Thr Asn Leu His Trp Glu Phe Leu Arg Arg Cys Glu		220
	225	230
Asn Leu Leu Leu Ser Val Leu Leu Asp Ser Arg Phe Val Gly Cys Val		235
	245	250
Pro Ser Val Leu Ala Thr Ala Thr Met Leu His Val Ile Asp Gln Ile		255
	260	265
Glu Gln Ser Asp Asp Asn Gly Val Asp Tyr Lys Asn Gln Leu Leu Asn		270
	275	280
Val Leu Lys Ile Ser Lys Glu Lys Val Asp Glu Cys Tyr Asn Ala Ile		285
	290	295
Leu His Leu Thr Asn Ala Asn Asn Tyr Gly His Lys Arg Lys Tyr Glu		300
	305	310
Glu Ile Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala Val Phe Ser Ser		315
	325	330
Asp Gly Ser Asn Asp Ser Trp Thr Val Gly Ala Ser Ser Tyr Ser Thr		335
	340	345
Ser Glu Pro Val Phe Lys Lys Thr Lys Asn Gln Gly Gln Asn Met Asn		350
	355	360
Leu Ser Pro Ile Asn Arg Val Ile Val Gly Ile Leu Ala Thr Ala Thr		365
	370	375
Ser Pro		380
385		

<210> 66

<211> 1119

<212> ADN

5 <213> *Scutellaria baicalensis*

<400> 66

atgggtttcgg aatttcagga gcacgaatcc cttctccaaa accctatctt tgatgccctt	60
tattgtgacg aggagcgttt tgatgaatgt gtaggcggcg ctgggttcggg cttcaaagag	120
ccgaaatca acgattttta tgagattcac aataaccctt ttgcttttct gtttgagcac	180
gaccttttct gggagagtga ggagcttgac gccctgttaa cgaaggagaa aacgcagacc	240

```

catttgactt ttgatgaaat aaactcagat gcgtctttga aggcgatgag aaatgaggcg 300
attaactgga tgctgaaggt gattgcccac tacgggttca atgcgctgac tgctgttttg 360
gctgtcaact attatgatag attcatcact agtgtttgtt ttcagaagga taagccatgg 420
atgagtcaat tagctgctgt ggcttgtctt tctgtagctg ccaaggtgga ggaaactcaa 480
gtgcctcttt tgttggattt acaagttgaa gaatctaagt atttgtttga agctaagacc 540
atccaaagaa tggagctttt ggtgctttct accctccaat ggaggatgaa tcctgtgacg 600
ccaatctcat tctttgacca cattgcaagg agatttgagt ttgtaaagaa cctacattct 660
gtatttttaa ggaggtgtga gagtttaac ctctccatta tcaactgattg tagattggta 720
aagtattttc cttcagttat tgcttctgca gcaatgatat atgcgattag agagtttgag 780
actcctgatg ctctggaata tgaggatcaa ctcttgagtg tgctaagaac tagcaaggac 840
aaagttgatg attgccgcaa actcattgtg gatgcaatgt atggtgggtt cagccacaag 900
ccttgctata aacgcaaata tgagtcgata ccaagcagtc caagtgggtg cattgatgcg 960
tatttgagct ctgatagctc tgttgattcg tgggctgtta cattatcagt gtcacgctcg 1020
ccagagcctt cgtttaagag aagcaaagct caagatcagc acatgagatt ggctccacta 1080
agcagtgat ctcttggcct tgctcatcgt attaatga 1119

```

<210> 67

<211> 372

<212> PRT

5 <213> *Scutellaria baicalensis*

<400> 67

```

Met Val Ser Glu Phe Gln Glu His Glu Ser Leu Leu Gln Asn Pro Ile
1          5          10          15
Phe Asp Ala Leu Tyr Cys Asp Glu Glu Arg Phe Asp Glu Cys Val Gly
          20          25          30
Gly Ala Gly Ser Gly Phe Lys Glu Pro Glu Ile Asn Asp Phe Asn Glu
          35          40          45
Ile His Asn Asn Pro Phe Ala Phe Leu Phe Glu His Asp Leu Phe Trp
          50          55          60
Glu Ser Glu Glu Leu Asp Ala Leu Leu Thr Lys Glu Lys Thr Gln Thr
65          70          75          80
His Leu Thr Phe Asp Glu Ile Asn Ser Asp Ala Ser Leu Lys Ala Met
          85          90          95
Arg Asn Glu Ala Ile Asn Trp Met Leu Lys Val Ile Ala His Tyr Gly
          100          105          110
Phe Asn Ala Leu Thr Ala Val Leu Ala Val Asn Tyr Tyr Asp Arg Phe
          115          120          125
Ile Thr Ser Val Cys Phe Gln Lys Asp Lys Pro Trp Met Ser Gln Leu
130          135          140
Ala Ala Val Ala Cys Leu Ser Val Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Gln
145          150          155          160
Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Val Glu Glu Ser Lys Tyr Leu Phe
          165          170          175
Glu Ala Lys Thr Ile Gln Arg Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Thr Leu
          180          185          190
Gln Trp Arg Met Asn Pro Val Thr Pro Ile Ser Phe Phe Asp His Ile
          195          200          205
Ala Arg Arg Phe Glu Phe Val Lys Asn Leu His Ser Val Phe Leu Arg
210          215          220
Arg Cys Glu Ser Leu Ile Leu Ser Ile Ile Thr Asp Cys Arg Leu Val
225          230          235          240
Lys Tyr Phe Pro Ser Val Ile Ala Ser Ala Ala Met Ile Tyr Ala Ile
          245          250          255

```

```

Arg Glu Phe Glu Thr Pro Asp Ala Leu Glu Tyr Glu Asp Gln Leu Leu
      260                      265                      270
Ser Val Leu Arg Thr Ser Lys Asp Lys Val Asp Asp Cys Arg Lys Leu
      275                      280                      285
Ile Val Asp Ala Met Tyr Gly Gly Phe Ser His Lys Pro Cys Tyr Lys
      290                      295                      300
Arg Lys Tyr Glu Ser Ile Pro Ser Ser Pro Ser Gly Val Ile Asp Ala
305                      310                      315                      320
Tyr Leu Ser Ser Asp Ser Ser Val Asp Ser Trp Ala Val Thr Leu Ser
      325                      330                      335
Val Ser Ser Ser Pro Glu Pro Ser Phe Lys Arg Ser Lys Ala Gln Asp
      340                      345                      350
Gln His Met Arg Leu Ala Pro Leu Ser Ser Val Ser Leu Gly Leu Ala
      355                      360                      365
His Arg Ile Asn
      370

```

<210> 68

<211> 1164

<212> ADN

5 <213> Zea mays

<400> 68

```

atggcagctt tcgccgcgtt gttcgacccc ctctactgcc cggaggagca cctcgatctg      60
taccacgaag gaccgcgtcga ggtgtgtggac gagcagtggc aggaccagcg cggacagcag      120
caaccggcgg ctcttgacga cgagctgccg gcgctgttcg aggcgctccg ggacaaggag      180
gggggtggtg tggcggttga tggggaggag gatgggtacg gcggctcggc aggccgggag      240
gccgcagtcg gctgggcgtc acgcgcgcgc gcacggctgg gcttctctgc gctcacttcc      300
gcgctgtccg ccgcctacct ggaccgctgc ttctctcccg ggggcgcgct ccgtctcggc      360
gaccagccct ggatgtcgcg cctcgccgcc gtgcctgtg tcgcgctcgc cgccaaggtc      420
gaggaacgc gcgtgccgct gctcctcgac ctccagctct gcgcgccgcg cagctccgac      480
gctgacgcag cggacgcgga cgtgttcgag gccaaagacg tgccgccgat ggagctgctc      540
gttctctccg cgctagggtg gcggatgcac cctgtcacgc ctttctccta cctccagcct      600
gtctcgcggc acgtgcgat gcgcctacgc aactgcgagg ccgtcctgct cgcggtcatg      660
gccgattgga ggtggcctcg gcaccggccc tcggcgtggg ccgccgcgcg attgctcacc      720
acagccggcg gcggcgacga cgactcggag ctgctcgcgc tcatcaatgc ccccgaggac      780
gagaccgcgg agtgcccaa gatcatctcc gaggtgacag gcatgagctt ccttgtctgc      840
gacgtcggcg gcatgatcgc cgggaataag cgtaagcacg cggcgccgcg gatgtactcg      900
ccgccgctga gcccgagcgg cgtgatcggc gcgctgtcct gcttcagctg cgagagctcg      960
ttgtccgcca cagcggactc gcgcaccctc gctactacgg ctgcgggggt cggcccgtgg      1020
gcaccgtcag cgcgcgtgtc cgtgtcgtct tccctgagc cccaggtcg ggccccaag      1080
cgcgctgcgg cggcggggggt cccgcatccg cttccccccg acgaggagag ccgcgacgcc      1140
tggccgtcca cctgcgccgc gtga

```

<210> 69

<211> 387

10 <212> PRT

<213> Zea mays

<400> 69

```

Met Ala Ala Phe Ala Ala Leu Phe Asp Pro Leu Tyr Cys Pro Glu Glu
1      5      10      15
His Leu Asp Leu Tyr His Glu Gly Pro Val Glu Val Val Asp Glu Gln
      20      25      30

```

Trp Gln Asp Gln Arg Gly Gln Gln Gln Pro Ala Ala Leu Asp Asp Glu
 35 40 45
 Leu Pro Ala Leu Phe Glu Ala Leu Arg Asp Lys Glu Gly Val Val Leu
 50 55 60
 Ala Gly Asp Gly Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Gly Ser Ala Gly Arg Glu
 65 70 75 80
 Ala Ala Val Gly Trp Ala Ser Arg Ala Ala Arg Leu Gly Phe Ser
 85 90 95
 Ala Leu Thr Ser Ala Leu Ser Ala Ala Tyr Leu Asp Arg Cys Phe Leu
 100 105 110
 Pro Gly Gly Ala Leu Arg Leu Gly Asp Gln Pro Trp Met Ser Arg Leu
 115 120 125
 Ala Ala Val Ala Cys Val Ala Leu Ala Ala Lys Val Glu Glu Thr Arg
 130 135 140
 Val Pro Leu Leu Leu Asp Leu Gln Leu Cys Ala Ala Ser Ser Asp
 145 150 155 160
 Ala Asp Ala Ala Asp Ala Asp Val Phe Glu Ala Lys Thr Val Arg Arg
 165 170 175
 Met Glu Leu Leu Val Leu Ser Ala Leu Gly Trp Arg Met His Pro Val
 180 185 190
 Thr Pro Phe Ser Tyr Leu Gln Pro Val Leu Ala Asp Ala Ala Met Arg
 195 200 205
 Leu Arg Asn Cys Glu Ala Val Leu Leu Ala Val Met Ala Asp Trp Arg
 210 215 220
 Trp Pro Arg His Arg Pro Ser Ala Trp Ala Ala Ala Ala Leu Leu Thr
 225 230 235 240
 Thr Ala Gly Gly Gly Asp Asp Asp Ser Glu Leu Leu Ala Leu Ile Asn
 245 250 255
 Ala Pro Glu Asp Glu Thr Ala Glu Cys Ala Lys Ile Ile Ser Glu Val
 260 265 270
 Thr Gly Met Ser Phe Leu Val Cys Asp Val Gly Gly Met Ile Ala Gly
 275 280 285
 Asn Lys Arg Lys His Ala Ala Ala Arg Met Tyr Ser Pro Pro Leu Ser
 290 295 300
 Pro Ser Gly Val Ile Gly Ala Leu Ser Cys Phe Ser Cys Glu Ser Ser
 305 310 315 320
 Leu Ser Ala Thr Ala Asp Ser Arg Thr Leu Ala Thr Thr Ala Ala Gly
 325 330 335
 Val Gly Pro Trp Ala Pro Ser Ala Pro Val Ser Val Ser Ser Ser Pro
 340 345 350
 Glu Pro Pro Gly Arg Ala Pro Lys Arg Ala Ala Ala Ala Gly Val Pro
 355 360 365
 His Pro Leu Pro Pro Asp Glu Glu Ser Arg Asp Ala Trp Pro Ser Thr
 370 375 380
 Cys Ala Ala
 385

<210> 70

<211> 1176

<212> ADN

5 <213> Zea mays

<400> 70

atggcagctt tcgccgcgct gttcgacccc ctgtactgcc cggaggagca cctcgatctg 60

```

taccgcgacg aaccggcgga ggggtgaggac gagcagtggc cgggccagca cggacagcag 120
gagccgggctg tcctcgacga cgagctgccg gcgctgttcg aggcacaccg ggccaaggag 180
ggggtggtgc tggcggagga tggcgggtac ggcggcgag ctgggcgtga ggccgcggtc 240
ggctgggttt cacgcggcgc ggcggggcta ggcttctccg cgctcaccgc cgcgctcgcc 300
gccgcctacc tcgaccgctg cttctctccc gggggcgcg cccggctcgg cgaccagccc 360
tggatggcgc gcctagccgc cgtcacctgc ttgcgctcg cgcgaaggt cgaggagacg 420
cgcgtgccgc cgctcctcga cctccagctc tacgccgccg ctgacgccgc ggatccgtac 480
gtattcgagg ccaagacggt gcgccggatg gagctgctcg tgctctccgc gcttgggtgg 540
cggatgcacc ctgtcacgcc cttctctac ctcagcccg tcctcgccga cgctgcgacg 600
cgctgcgta gctgcgaggg cgtcctgctc gcggtcatgg ccgactggag gtggcctcgg 660
caccggcctt cggcgtgggc cgcggccgcg ttgctgatca cagccgccgc cggcgacggc 720
ggcgacggcg acggcgacac ggagctcctg gcgctcctca ttgccccga ggacaagacc 780
gcgagtgtag ccaagatcat ctccgagtg acgggcatga gcttctcgc ctgcgatgac 840
ggcgtgagcg ccggaataa gcgtaagcac gcggcgggcg agttgtactc gccgcccgcg 900
agcccgagcg gcgtgatcgg cgcgctgtcc tgcttcagct gcgagagctc gacgtccgcc 960
accgctatgg ctgcggcggt cggcccggtg gcgcccgtcg cgtccgtgtc cgtgtcgtcc 1020
tcctcagagc caccaggtcg ggcgcccaag cgcgcagcgg cggcgtcggc gtcggcgctc 1080
gcgtcagccg gggtcgcgcc accgggtccag gtcccgcatc agctaccccc cgacgaggag 1140
agccgcgacg cctggccgct cactgcgcc gcgtga 1176

```

<210> 71

<211> 391

<212> PRT

5 <213> Zea mays

<400> 71

```

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

```

Ala	Trp	Ala	Ala	Ala	Ala	Leu	Leu	Ile	Thr	Ala	Ala	Ala	Gly	Asp	Gly
225					230					235					240
Gly	Asp	Gly	Asp	Gly	Asp	Thr	Glu	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Ile	Ala	Pro
				245						250				255	
Glu	Asp	Lys	Thr	Ala	Glu	Cys	Ala	Lys	Ile	Ile	Ser	Glu	Val	Thr	Gly
			260					265					270		
Met	Ser	Phe	Leu	Ala	Cys	Asp	Val	Gly	Val	Ser	Ala	Gly	Asn	Lys	Arg
		275					280					285			
Lys	His	Ala	Ala	Ala	Gln	Leu	Tyr	Ser	Pro	Pro	Pro	Ser	Pro	Ser	Gly
	290					295					300				
Val	Ile	Gly	Ala	Leu	Ser	Cys	Phe	Ser	Cys	Glu	Ser	Ser	Thr	Ser	Ala
305					310					315					320
Thr	Ala	Met	Ala	Ala	Ala	Val	Gly	Pro	Trp	Ala	Pro	Ser	Ala	Ser	Val
			325						330					335	
Ser	Val	Ser	Ser	Ser	Pro	Glu	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala	Pro	Lys	Arg	Ala
			340					345				350			
Ala	Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Ala	Gly	Val	Ala	Pro	Pro
		355					360					365			
Val	Gln	Val	Pro	His	Gln	Leu	Pro	Pro	Asp	Glu	Glu	Ser	Arg	Asp	Ala
	370					375					380				
Trp	Pro	Ser	Thr	Cys	Ala	Ala									
385					390										

REIVINDICACIONES

1. Método para incrementar la producción de semillas de plantas con relación a plantas tipo natural correspondientes, que comprende incrementar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido (CYCD3) de ciclina D3 bajo el control de un promotor específico para endosperma,
- 5 en donde dicha expresión incrementada se efectúa al
 - (i) introducir mediante transformación un ácido nucleico que codifica CYCD3 bajo el control de un promotor específico para endosperma; y
 - (ii) seleccionar plantas que tienen producción de semilla incrementada.
- 10 2. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde dicho ácido nucleico es capaz de hibridar con un ácido nucleico que codifica CYCD3 de la SEQ ID NO:1 o SEQ ID NO:48.
3. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde dicho ácido nucleico codifica un ortólogo o parálogo de la proteína CYCD3 de la SEQ ID NO: 2.
- 15 4. Método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde dicho ácido nucleico que codifica CYCD3 es de origen de planta, preferiblemente de una planta dicotiledónea, adicionalmente preferiblemente de la familia Brassicaceae, más preferiblemente el ácido nucleico es de *Arabidopsis thaliana*.
5. Método de acuerdo con una cualquiera de 3 reivindicaciones de la 1 a 4, en donde dicho promotor específico para endosperma es un promotor prolamina.
- 20 6. Método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde dicha producción de semilla incrementada se selecciona de: número incrementado de flores por panículo, producción de semilla total incrementada, índice de cosecha incrementado y TKW incrementado.
7. Construcción que comprende:
 - (i) un ácido nucleico que codifica un polipéptido CYCD3;
 - (ii) una o más secuencias de control específicas para endosperma que conducen la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (i) en la endosperma de semillas; y opcionalmente
 - 25 (iii) una secuencia de terminación de transcripción.
8. Construcción de acuerdo con la reivindicación 7, en donde dicha secuencia de control es un promotor específico para endosperma.
9. Construcción de acuerdo con la reivindicación 8, en donde dicho promotor específico para endosperma es un promotor prolamina.
- 30 10. Construcción de acuerdo con la reivindicación 9, en donde dicho promotor prolamina es como se representa por la SEQ ID NO: 3.
11. Método para la producción de una planta transgénica que tiene producción de semilla incrementada, cuyo método comprende:
 - (i) transformar una planta o célula de planta con una construcción de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 7 a 10; y
 - 35 (ii) cultivar la célula de planta bajo condiciones que promueven el desarrollo y crecimiento de la planta.
12. Planta transgénica que comprende una construcción de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 7 a 10.
- 40 13. Planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 12, en donde dicha planta es una planta monocotiledónea, tal como caña de azúcar o en donde la planta es un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, avena o sorgo.

14. Partes cosechables de una planta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 12 o 13, en donde dichas partes cosechables comprenden una construcción de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 7 a 10.
- 5 15. Partes cosechables de una planta de acuerdo con la reivindicación 14, en donde dichas partes cosechables son semillas, y en donde las partes cosechables comprenden una construcción de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 7 a 10.
16. Uso de una construcción de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 7 a 10 en mejorar la producción de semilla, con relación a plantas tipo natural correspondientes.
- 10 17. Uso de acuerdo con la reivindicación 16, en donde dicha producción de semilla se selecciona de: número incrementado de flores por panículo, producción de semilla total incrementada, índice de cosecha incrementado y TKW incrementado.

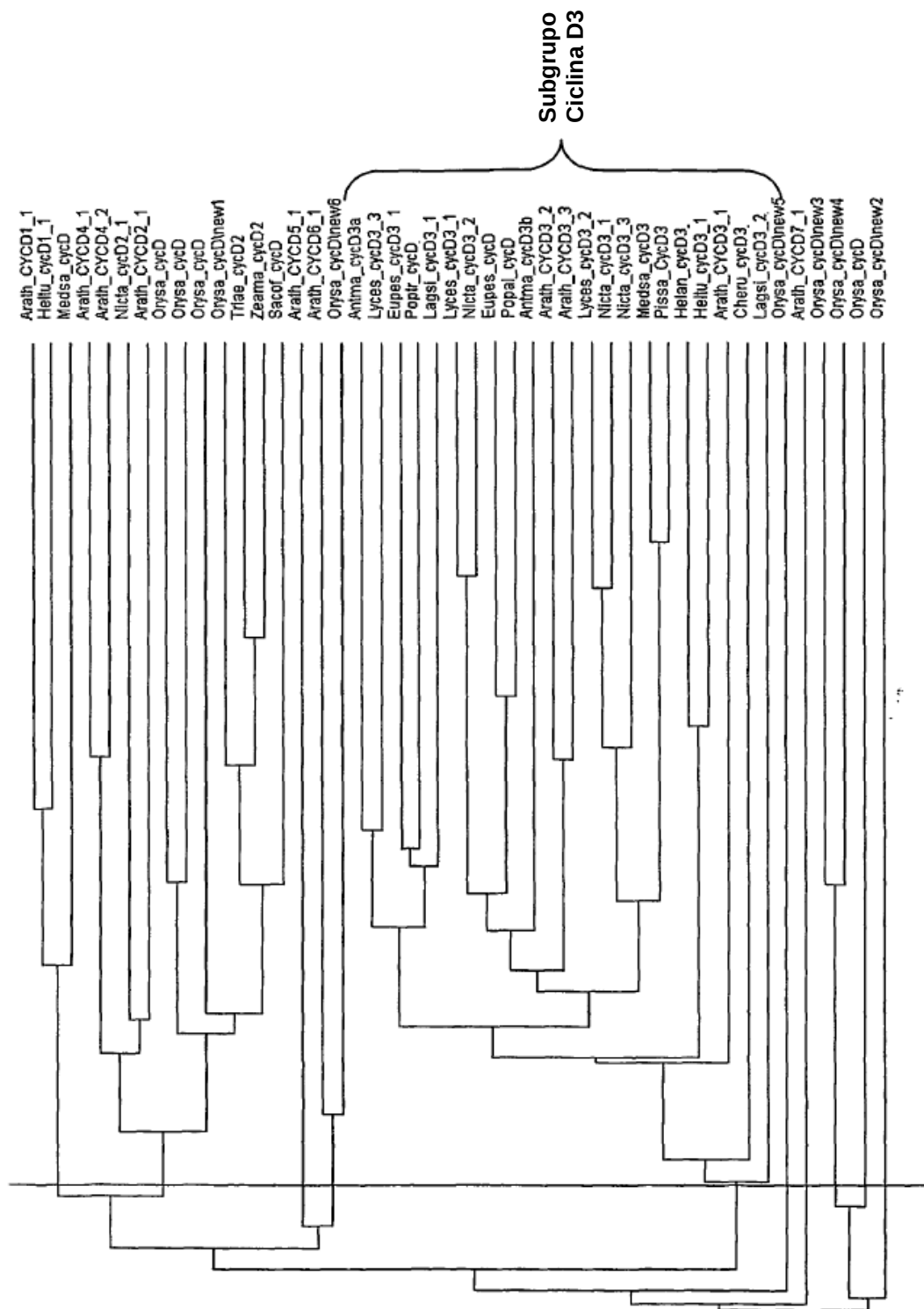


FIGURA 1

1	Antma_cycD3a	(1)	MYQONS	PSLCF	NYG	EE	QNWNGE	IINDCFI	EEQEPFS	DLK	HOLLCGVD	DDDDKE	ETSS	LCKE											
	Antma_cycD3b	(1)	MLFSHQOT	HLQMPI	FL	IL	HFEDLI	LGSGZ	KDGF	INQ	IHHNQKKEP	FTTFL	FEHDL	WEDL	LVN	LSKE									
	Arath_CYCD3_1	(1)	MAIRKEE	REEQNS	FL	IL	HWDE	EVE	E	NSS	SSSS	PFWL	QDL	FWED	DLV	FSKE									
	Arath_CYCD3_2	(1)	MALEKEE	ASQGA	FCV	Y	Y	Y	DL	DDG	DL	FL	ES	DES	VVK	FL	PL	DM	EL	W	DL	EL	LS	LSKE	
	Arath_CYCD3_3	(1)	MALE-EE	ESQNA	PPCV	IL	GF	GE	S	EFHE	QV	DL	CE	VE	FP	FL	NL	GL	SD	HL	WD	DL	EL	LS	LSKE
	Eupes_cycD3_like	(1)	M	EDSQ	IS	LI	FI	FO	GI	ED	FDG	DEY	TT	IT	DS	DL	LP	DL	IS	WE	EL	VS	FTKE	LSKE	
	Heltu_cycD3;1	(1)	MAISPYSSS	IL	HW	DE	E	VE	QHE	Y	E	VE	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Medsa_cycD3	(1)	MAIHHH	HHOOL	QOHT	SS	FL	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Nicta_cycD3;1	(1)	MALEHNEQ	QEL	QS	FL	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Nicta_cycD3;3	(1)	MGIOHNEH	NQD	QS	FL	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Plssa_cycD3	(1)	MAIHHH	HHH	HOOL	HHN	SL	IL	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Popal_cycD3	(1)	MSFLOQE	THN	S	PA	IL	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Cheru_cycD3	(1)	MTTLE	TEQ	EQ	Q	FS	Q	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Eupes_cycD3;1	(1)	MAISRYSS	NT	FI	FO	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Helan_cycD3	(1)	MVPPYAI	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Lagai_cycD3;1	(1)	MKMA	LS	HN	K	R	T	Q	L	N	S	L	F	F	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Lagai_cycD3;2	(1)	MVFP	LD	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Lyces_cycD3;1	(1)	MAIENN	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Lyces_cycD3;2	(1)	MSHHY	Q	EQ	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Lyces_cycD3;3	(1)	MVFP	LD	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Nicta_cycD3;2	(1)	MAFAT	FL	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD3	(1)	MAS	YN	P	T	S	A	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Portr_cycD3	(1)	MRSY	R	S	D	I	L	M	S	F	S	N	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD1_1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD2_1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD4_1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD4_2	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD5_1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD6_1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Arath_CYCD7_1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Heltu_cycD1;1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Nicta_cycD2;1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD5_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Triae_cycD2	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Zeama_cycD2	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Medsa_cycD1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD2/4_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD2/4_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD2/4_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD2/4_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD1	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD5_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD5_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Orysa_cycD6	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Sacof_cycD2/4_like	(1)	MAEN	PA	Q	S	T	S	E	S	W	I	N	D	D	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y
	Consensus																								

FIGURA 2

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

201

[illegible]

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

48

401

(296)	Antna_cyc03a	---FGLPPEHKEVMEISPCDDSN---PLDSTAASVSS---PE-HLSERKRTKQNPDR---
(297)	Antna_cyc03b	---YGSPEHKEVMEISPCDDSN---DLSVAASVSS---PE-PPVPEHKEVMEISPCDDSN---
(300)	Arath_cyc03_1	---SSSLSPSEHKEVMEISPCDDSN---SNDSSASASVSS---PE-PPVPEHKEVMEISPCDDSN---
(301)	Arath_cyc03_2	---LVDDDS-PSGVLDPDDSSNS---MNYSTASVSSSSSS---PE-PLAKRRVQEQOMRLSPINRMFLDVLSS-PR---
(291)	Arath_cyc03_3	---WQDPASPIGVFDASFSDDSNESWVYSANVSSVSSSS---E-PLAKRRVQEQOMRLSPINRMFLDVLSS-PR---
(289)	Eupes_cyc03 like	---YFSPCEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SPSPPEHKEVMEISPCDDSN---
(300)	Heltu_cyc03:1	---ANETTNEVSPAGVDFDTCDS---SNEHKEVMEISPCDDSN---SPSPPEHKEVMEISPCDDSN---
(319)	Medsa_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(309)	Nicta_cyc03:1	---YENPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YFVEHKEVMEISPCDDSN---
(294)	Nicta_cyc03:3	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---E-PLDQTSISPTSPRDOPLERKRVQEQOMRLSLSRVFDVAVGSPR---
(314)	Pissa_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(305)	Popal_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(304)	Cheru_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(298)	Eupes_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(293)	Helan_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(283)	Lagsi_cyc03:1	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(294)	Lagsi_cyc03:2	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(301)	Lyses_cyc03:1	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(317)	Lyses_cyc03:2	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(305)	Lyses_cyc03:3	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(290)	Nicta_cyc03:1	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(302)	Nicta_cyc03:2	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(293)	Orysa_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(313)	Popal_cyc03	---YEPICEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---YSTPEVMEISPCDDSN---
(283)	Arath_cyc03_1	---NRLNTEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---CGRKLSGVWVGDETSTN---
(306)	Arath_cyc03_2	---YAVRAVPSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---NNNNNSHKEVMEISPCDDSN---
(275)	Arath_cyc04_1	---SDCSQTEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---NNNNNSHKEVMEISPCDDSN---
(261)	Arath_cyc04_2	---SDCSQTEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---NNNNNSHKEVMEISPCDDSN---
(280)	Arath_cyc05_1	---KHTPEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---PPAPEHKEVMEISPCDDSN---
(260)	Arath_cyc06_1	---NEGSTEAVNKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---KERTSTTRY---
(277)	Arath_cyc07_1	---YEGHSLKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---KKEGRHGHQMDIRAKMTIEMSNYI---
(271)	Heltu_cyc03:1	---LEVRHVTARVSTESGSSSSSSSP---SP---YERKLNYSWIEDKR---
(300)	Nicta_cyc02:1	---ASLVPSEHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---RKLDTSSLEHETSEKL---
(295)	Orysa_cyc05 like 3	---MOSTEVASSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---KRLHLSPOQ---
(306)	Triae_cyc02	---SMFSVPSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---SASERHIGR---
(308)	Zeama_cyc02	---SISVPSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---STSRGHTRLL---
(289)	Medsa_cyc01	---NRRNRAHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---YSLSEKRLNSCFWVDVKGNSEGREKKQTR---
(300)	Orysa_cyc02/4 like 4	---VFVSSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---YEHDSPPVSSR---KALSR---
(325)	Orysa_cyc02/4 like 1	---SASSSSVPSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---SCFSSPSTHKLRL---
(299)	Orysa_cyc02/4 like 2	---ASSVPSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---SODSAPASBRRLNTPI---
(295)	Orysa_cyc02/4 like 3	---SVFSVPSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---ASSVPSHKEVMEISPCDDSN---
(283)	Orysa_cyc01	---NNVGRESTITMATITTAAGVSS---SEEVVSS---SP---PPSRRKMA---
(318)	Orysa_cyc05 like 1	---RPLQDSHKEVMEISPCDDSN---DNGVSSVSSSS---SP---KRLRPEPR---IR---
(317)	Orysa_cyc05 like 2	---TUTTGKSS

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

IDENTIDAD																						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
blosum60																						
1. Antma_cycD3a	50.5	42.5	42.9	46	49	44.7	47.6	49.2	46.7	46.9	48.9	39.3	52.1	40.6	53.2	40.3	48.6	49.5	57.7	46.4	56.2	
2. Antma_cycD3b	68.4		43	44.3	45.7	51.6	41.1	46.9	48.6	46.4	46.5	52.5	38.9	43.7	36.7	45.4	38.7	55.2	47.3	44.7	55.5	49.1
3. Arath_CYCD3_1	59.8	62.2		46.5	44.2	47.6	44.1	50.5	51.3	52.2	48.5	47.7	35.1	42.7	40.2	41.9	37.9	46.4	50	43.7	44.6	46.3
4. Arath_CYCD3_2	59.1	65.4	65.7		67.9	54.4	44.1	44.1	49.7	50.7	43.3	54.6	36.4	41.6	38.9	42.9	33.9	50	48.3	40.6	51.6	43.2
5. Arath_CYCD3_3	63.2	67	63	80.1		52.9	41.8	43.6	48.4	51.5	43.3	52	36.3	44.7	36	45.7	36	46.4	47	43	47.6	43.9
6. Eupes_cycD	67.6	69	64.4	72.5	72		48.5	51.2	55.2	55.8	49.4	70.1	38.1	47.1	42.5	49.3	39.7	55.6	55.1	45	56	48.2
7. Heltu_cycD3;1	62.7	61.2	65.2	65.7	62.3	70.6		48.6	51.2	53.1	46.8	46.6	33.8	42.2	67.4	45.8	41	44.7	52.3	41.6	43.7	45.9
8. Medsa_cycD3	64.8	64	67.4	63.5	63.7	68.1	66.3		60.7	56.1	85.4	53.4	38.2	50	42.1	49.6	40.6	48.5	57.8	47.1	47.7	51.3
9. Nicta_cycD3;1	64.1	68.1	69.7	70	67.6	72.7	68.1	72.5		69.6	57.3	57.7	38.9	48.1	43.1	47.1	40.8	50.3	79.5	47.4	50	51.7
10. Nicta_cycD3;3	64.7	67.4	71.8	71.2	69.8	74.7	71.2	71.8	84.2		55.7	57.5	38.8	47.3	43.4	49.3	39.1	49.6	68.4	47.3	51.2	51.4
11. Pissa_CycD3	61.7	62.8	67.4	61.2	61.7	66.9	64.3	91.7	72.7	72.1		53.1	36	49	39.7	48.8	40.9	46.9	54.8	47.8	48.2	51.3
12. Popal_cycD	65	70.9	66.5	71.7	72.2	80.1	64.4	67.1	73.2	73.9	66.9		39.9	49.7	38.7	52.5	38.8	56.1	55.9	45.5	56.4	50.4
13. Cheru_cycD3	60.6	60.1	56.9	55	59	58.9	55.7	54.4	58.4	55.4	55.5	59.6		37.2	33.7	36.7	32	38.1	39.6	37.2	36.2	36.9
14. Eupes_cycD3;1	72.6	63.4	63.8	63.5	63.7	66.5	65.5	64.8	66.2	67.1	64.6	64.7	59.1		38.5	56.9	38.3	46.8	48.6	49.7	45.1	56.9
15. Helan_cycD3	58.6	55.7	57.4	55.9	53.2	62.3	75.6	59.3	60.3	61.4	58.6	56.9	54.8	58.9		40.5	36.9	39.4	45.4	39.4	39.3	41.6
16. Lagsi_cycD3;1	69.9	64.3	61.7	61.9	62.6	66.2	66.1	64	65.1	66.6	63.5	65.5	56	74.1	59.4		40.6	49.7	49.2	48	48.1	53.6
17. Lagsi_cycD3;2	60	57.4	59.2	54.5	56.8	59.7	60.3	60.9	63.4	58.9	60.7	58.7	51.3	60.3	53.4	57.9		37.5	41.8	39.9	38.2	39.9
18. Lyces_cycD3;1	66.6	72.3	65.2	70	67.9	73.3	65.5	67.1	67.8	70.4	65.9	72.8	55.7	65.5	56.8	68	60.3		49.5	44.7	81.9	50.4
19. Lyces_cycD3;2	64.6	65.9	66	69.8	67.3	72.5	70.1	69.9	87.4	81	68.5	70.6	58.5	67	61.8	67	61.3	69		45.3	50.7	50.3
20. Lyces_cycD3;3	71.1	63.2	60.9	58	60.9	63.4	58.5	61.7	62.7	63	62.5	61.7	54.2	68	56	65.6	57.6	64.6	59.9		42.9	52.8
21. Nicta_cycD3;2	63.5	73	65.7	71.9	68.4	72.8	65.4	66.6	69.2	72.8	66.9	72.2	54.2	64.3	56.1	65.1	60.3	88.6	69.2	62.4		49.7
22. Poptr_cycD	69.1	67.6	68.6	64.1	62.5	66.8	64.4	69.7	70.7	70.7	69.3	68.4	56.4	75	58.2	71.3	63.4	67.6	67.6	67.6	67.6	
SIMILITUD																						

FIGURA 3

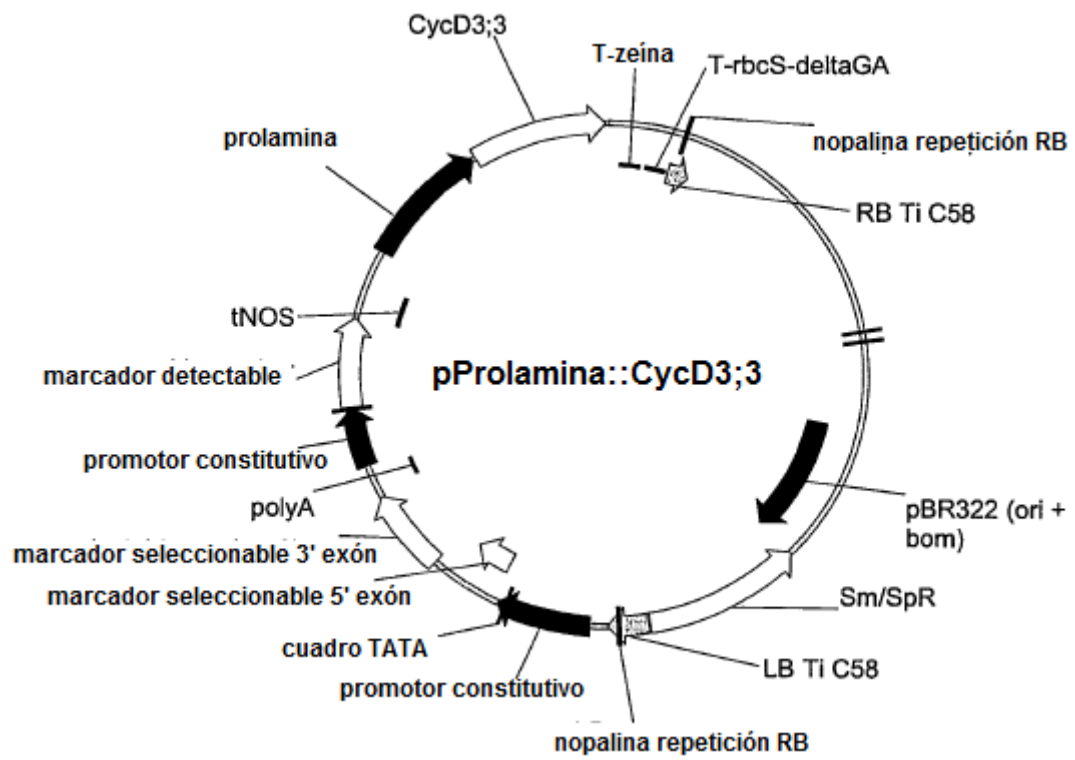


FIGURA 4

SEQ ID NO 1: ciclina D3;3 cADN

ATGGCTTTAGAAAGAGGAGGAAGAGAGTCAAAACGCACCGTTTTGTGTTCTTGATGGTCTTTTCT
GTGAGGAAGAGAGTGAAGTTTACGAAACAAGTAGATTTGTGCGACGAGAGTGTGAAAAGTTTCC
TTTTTTAAATCTGGGTTTGTCTGATCATGATATGTTGTGGGATGATGATGAGTTATCAACTTTG
ATTTTCGAAACAAGAACCGTGTCTTTATGACGAAATCTTAGATGATGAGTTCTGGTTTTGTGTC
GTGAAAAGGCTCTTGATTGGATTTTTAAAGTGAAATCTCATTATGGGTTTAATTCATTGACGGC
TCTTTTAGCTGTAAATTACTTCGATAGGTTTATTACAAGCAGGAAGTTTCAGACAGATAAGCCA
TGGATGTCTCAGCTTACTGCTTTGGCTTGTCTGTCTTTAGCTGCTAAGGTTGAAGAGATCCGTG
TTCTTTTCTCTTAGATTTTCAAGTGGAAGAAGCAAGATATGTCTTTGAAGCTAAGACTATACA
GAGAATGGAGCTTCTTGTCTGTCTACTCTTGACTGGAGGATGCATCCTGTGACTCCAATCTCG
TTTTTCGATCACATTATTCGACGATACAGCTTTAAATCTCATCATCAATGGAGTTCTTGAGTA
GATGTGAATCTTTATTACTCTCATTATTCCTGATTTCGAGATTTCTGAGTTTGTAGTCTTCTGT
GTTAGCCACTGCAATAATGGTCTCTGTTATTAGAGATTTGAAGATGTGTGACGAAGCTGTATAC
CAATCTCAGCTCATGACTCTACTCAAAGTTGATTTCGGAGAAGGTAAATAAATGCTATGAGTTAG
TGTTAGACCACAGTCCAAGCAAGAAAAGGATGATGAATTTGGATGCAACAACCCGCTAGTCCGAT
CGGTGTGTTTGATGCGTCATTAGTTCTGATAGCTCGAATGAGTCGTGGGTTGTGTCTGCTTCT
GCTTCAGTGTGCTTTCACCATCTTCAGAGCCTTTGCTCAAGAGGAGAAGAGTGCAAGAGCAGC
AGATGAGGCTATCTTCAATAAACCGAATGTTTTTCGATGTGCTTAGTAGTAGTCTCTCGCTAA

SEQ ID NO 2: ciclina D3;3 proteína

MALEEEEEESQNAPFCVLDGLFCEEESEFHEQVLDLCDESVEKFPFLNLGLSDHMLWDDDELSTL
ISKQEPCLYDEILDDEFVLVLCREKALDWIFKVKSHYGFNSLTALLAVNYFDRFITSRKFQTDKP
WMSQLTALACLSLAAKVEEIRVPFLDFQVEEARYVFEAKTIQRMELLVLSTLDWRMHVPVTPIS
FFDHIIRRYSPFKSHHQLFLSRCESSLLSIIPDSRFLSFSPSVLATAIMVSVIRDLKMCDEAVY
QSQLMTLLKVDSEKVNKCYELVLDHSPSKRMMNWMQPPASPIGVFDASFSSDSSNESWVVSAS
ASVSSSPSSPEPLKRRRVQEQQMRLSSINRMFFDVLSSSPR

5 SEQ ID NO 3: Promotor de prolamina PRO oryza sativa

CTTCTACATCGGCTTAGGTGTAGCAACACGACTTTATTATTATTATTATTATTATTATTATTAT
TTTACAAAAATATAAAATAGATCAGTCCCTCACCACAAGTAGAGCAAGTTGGTGAGTTATTGTA
AAGTTCTACAAAGCTAATTTAAAAGTTATTGCATTAACTTATTTTCATATTACAAACAAGAGTGT
CAATGGAACAATGAAAACCATATGACATACTATAATTTTGTTTTTATTATTGAAATTATATAAT
TCAAAGAGAATAAATCCACATAGCCGTAAAGTTCTACATGTGGTGCAATTACCAAAATATATATA
GCTTACAAAACATGACAAGCTTAGTTTGAAAAATTGCAATCCTTATCACATTGACACATAAAGT
GAGTGATGAGTCATAATATTATTTTCTTTTGCTACCCATCATGTATATATGATAGCCACAAAGTT
ACTTTGATGATGATATCAAAGAACATTTTTTAGGTGCACCTAACAGAATATCCAAATAATATGAC
TCACTTAGATCATAATAGAGCATCAAGTAAACCTAACACTCTAAAGCAACCGATGGGAAAGCAT
CTATAAATAGACAAGCACAAATGAAAATCCTCATCATCCTTACCACAATTCAAATATTATAGTT
GAAGCATAGTAGTA

SEQ ID NO 4: cebador PRM0360

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTCACAATGGCTTTAGAAGAGGAGGA

FIGURA 5

SEQ ID NO 5: cebador PRM0361

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTTAGCGAGGACTACTATAAGCA

SEQ ID NO 6: secuencia de ADN D3a AJ250397 ciclina de *Antirrhium majus*

GAGAGAAGAGATGGCTCAAAGCTCAACTCTAGGCCTCTCTTTCTTCACACCTTTGTTTGACTTA
GAATGAAATGAATGCAGCTTCACACAACCTCTCTTCTCCTCAGAAGATGTATCAACAAAACCTCTC
CATCACTCTGTTTTGATGCTCTGTACTGTGAGGAAGAACAACAACTGGGACAATGGTGAAATCAT
CAATGACTGTTTCATTGAAGAACAAGAACCCTTTTCTGATTTATTGAAACATGATTTGTTATGT
GGTGTAGATGATGATGATGATGATAAAGAAGAGCTTAGCTCTTTATTGTGTAAAGAGCAGGAAT
ATGAACTGTACAGAGTCCTTGAGGACAATCCATCTCTAGCAAAAAGCTAGAGATGAGGCTGTTGA
ATGGATGTTTAAAGGTCATTGGGTACTATTCTTTTTCTGCTCTCACTGCGGTTCTTGCAGTTAAC
TATTTGGATAGATTTCTATGCACATTTTCAGTTTCAACAAGATAAGCCATGGATGTATCAGTTGG
CTGCTGTGGCTTGTCTCTCTTTGGCTGCTAAAGTTGAAGAACTCAAGTCCCTCTTCTGTTAGA
CCTTCAAGTTGAGGAATCTAAGTATGTGTTTGAAGTCAAAAACCATTTCAAAGAATGGAGCTTTTG
GTGCTTTCAACACTTAAATGGAAGATGAATCCAGTCACCCCAATTTTCAATTCCTTGAGTACATTG
CTAGGAGGCTAGCATTGAAGAGCCATCTTTGTAAAGAGTTCCTCAACAGATGTGAATGCCTCCT
TTTGTCCTTATTACCGATTGTAGATTTCATGTGCCATCTTCCATCTGCATTGGCCACTGCAACG
ATGCTGTATGTTATAAGCAGCTTAGAGCCCTGCATTTGGTGTGGAGTACCAAGATCAACTCATCA
ACATTCTTGAATCAACAAGGACAAAGTGGAGGAATGTTGTAAGTTAATACAAGAAGTGGCCAC
AAGTGTTCATTTTCAATCAGGCAACAAAAGAAAGTTTGGATCTTTGCCTTATAGCCCCAAAGGG
GTAGTGGACATCTCATTCAGTTGTGATGATTTCATGGCCGTTGGATTCAACTGCATCAGTTTCTT
CCTCACCAGAGCATTTGTCCAAGAAAATCAAGACCCAAAATCCAGACCATGA

5 SEQ ID NO 7: secuencia de proteína deducida proteína D3a AJ250397 ciclina de *Antirrhium majus*

MYQONSPSLCFDALYCEEEQNWDNGEI INDCFIEEQEPFSDLLKHDLLCGVDDDDDDKEELSSL
LCKEQEYELRYLEDNPSLAKARDEAVEWMFKVIGYYSFSALTAVLAVNYLDRFLCTPQFQQDK
PWWYQLAAVACLSLAAKVEETQVPLLLDLQVEESKYVFESKTIQRMELLVLSTLKWKMNPVTPI
SFLEYIARRLALKSHLCKEFLNRCECLLLSLITDCRFMCHLPSALATATMLYVISSLEPCIGVE
YQDQLINILGINKDKVEECCKLIQEVATSVHFQSGNKRKFGSLPYSPKGVVDISFSCDDSWPLD
STASVSSSPEHLSSKIKTQNPDH

SEQ ID NO 8: secuencia de ADN D3b AJ250398 ciclina de *Antirrhium majus*

TAAAAAAAAGCGTAAAAATTAAACAGAAAAAATATGATATTAAGCCCAAGATTCAATCTTTTGA
GCTTTTCTTAAAGATAATGAGCAGAGCCCCCTGTATCTTCTTCTCCTCGAAGAAGATGTTGTTTTTC
ACATTCTCAACAAACCCATCTCCAAAATCCAATCTTTGATGCTCTTCTCTGTAACGAGGAGCAT
TTCGATGAAGATTTGGATCTTGGGTCCGGGTAAAAGACCCGGGTTTTATAAATCAGATTCATC
ATAATCAAAAAAAGAAGAACCATTACTACTTTTCTGTTTGAAGCAGACCTTTTGTGGGAAGA
TGACGAGCTTGTAAATCTCTTGTCTAAGGAGAAAGAACAAGAACAAGCCCATTTGGGGTAC
GATGATGTAATGGACTCTGATGGGTTTTTGAAGGGGTGAGAAATGAAGGGATTAAGTGGATGT
TGAAGGTGATTGGACACTATGGGTTCAATGCGATGACTGCTGTTTGTAGCTGTGAATTATTATGA
TAGATTTATTACAAACGTTGGGTTTCAAAGGATAAGCCTTGGATGAGTCAATTGGCTGCTGTT
GCTTGTCTTTCTGTAAAGTGGAGGAGACTCAAGTGCCTCTGTTGCTGGATTTTCAAGTAGAGG

AATCAAAGTATGTGTTTGAGGCAAAGACTATACAGAGGATGGAGCTTTTGGTGCTCACTACTTT
 GAAATGGAAGATGAACCCGTGTGACGCCTATCTCGTTCTTTGACCACATTGTGAGGAGGTTTGAG
 TTGATGAACAATGTGCAATGCGAGTTTATGAAGAGGTGTGAGAGTGTCAATTCTCTCCATCATCA
 CCGATTATCGATTGTGCGCTATCTTCCTTCTGTTGTTGCTGCTGCAACCATGATATATGTAAT
 CAAAGAGCTTTATCCTTGTGATGCATTGGAATACCAGAATGAGTTTGTGACTGTGCTGAGAACT
 AGCAAGGAAAAGACTGATGATTGCCATATGCTAATCACTGAAGTAATCAACAATCAAAGCTACA
 TCCTTTGTGACAAAGCGCAAGTACGGTTCCATACCAAGCAGTCCAAATGGTGTGATCGATGCCTA
 TTTTCAGCTCTGATGGCTCTAACGATTTCGTGGTCAGCAGTGTCAATCCGTTTCATCATCACCAGAG
 CCCGTGTTTAAGAGAATCAGAGCCATTGGGGGGGCTAATCCTCCTCATTGAACCTATTCTTTAT
 TTTATCTGATATTTAGCAACGGTACTTCATAATCGCTCTTTTGCTATGGTTTTTCCGTCATAA
 GACGATGCAGTTATGTTACATTTCTGTTATATCTTTGCTGTGATGGATCAGACATGTTTAAACAG
 ACAATTGACTCTTATCACCTCTTTGATTGAGGGATGGAGAGCCAAAGGGATTATGTGAGTTTTT
 GTTCCTGGAGTAAATCGATGAACTTTTAGTATTAATGAAAA

SEQ ID NO 9: secuencia de proteína deducida proteína D3b AJ250398 ciclina de *Antirrhium majus*

mlfshsqgthlqnpifdallcneehfdehdlgsgldpgfinqihhnqkkeepfttflfehdl
 lweddelvnllskekeqeqqahlgdyddvmsdglkrvrnegikwmlkvighygnamtaavlav
 nyydrfitnvgfkdqkpwmsqlaavaclsvkveetqvpilldfqveeskyvfeaktiqrmellv
 lttlkwkmpvtpisffdhivrrfelmnvnqcefmkrcevsilsiidtyrfvrylpsvvaatm
 iyvikelypcdaleyqnefvvlrtskektddchmlitevinngsyilchkrkygsipsspngv
 idayfssdgsndswsavssvssspvpfkriraignanpph

SEQ ID NO 10: secuencia de ADN (At4g34160 NM_119579 de ciclina delta-3 (CYCD3) de *Arabidopsis thaliana*

ATCACTCTCCGAAACCCACTTCCAGCTTTTTCTCTCTCTCTTCTCTCTCTAGTCTCTCTTTTGT
 AGCTCTCCCCTGCTAAGCTAACCACTGCACGTTTCCATAGAGAGGAAAGATGAGTCTCTCTCCG
 AGAGATTTTCTCTCTATCATCTTATCTTCTTCCGTGTAATGCTCTGAGCCAAAACCCAATAACT
 AAATCAACAACAATATAGAAGAGAAGAGAAAGATCTTATCTTCTTCTCATCTCTGAGTTTAGT
 CCCCCACAATGGCGATTTCGGAAGGAGGAAGAAAGTAGAGAAGAACAGAGCAATTTCGTTTCTTCT
 TGATGCTCTCTACTGCGAAGAAGAGAAATGGGACGATGAAGGAGAAGAAGTTGAAGAAAACCTCT
 TCCTTGTCTTCTTCTTCTTCTTCTCCATTTCGTTGTTTTGCAACAAGATTTGTTCTGGGAAGATGAAG
 ATCTGGTTACACTCTTCTCCAAAGAAGAACAAGGACTCAGCTGTCTCGATGATGTTTATCT
 TTCCACGGATCGAAAAGAAGCTGTTGGTTGGATTCTGAGAGTCAACGCTCATTATGGCTTCTCT
 ACTTTAGCAGCTGTTTTAGCCATAACTTATCTCGATAAGTTTCATCTGTAGCTACAGCTTACAGA
 GAGACAAACCATGGATGCTTCAGCTCGTTTCTGTGCGGTGTCTCTCATTAGCTGCTAAAGTCTGA
 AGAAACCCAAGTCCCTCTTCTTCTAGACTTTCAAGTGGAGGAGACAAAGTATGTGTTTGAAGCA
 AAAACCATAACAGAGAATGGAGCTACTGATTCTGTCTACTCTCGAGTGGAAGATGCATCTCATT
 CTCCAATTTTCGTTTCGTAGACCACATTTATCAGGAGATTGGGACTTAAGAACAATGCTCACTGGGA
 TTTCCTCAACAATGCCACCGTCTCCTCCTCTCTGTAATCTCCGATTCAAGATTTGTGCGGTAC
 CTCCCATCAGTAGTTGCCGCGAGCTACCATGATGCGAATTATAGAGCAAGTTGATCCCTTTGACC
 CTCTTTCATACCAAATAATCTCCTCGGTGTCTTAACTTAACCAAGGAAAAGGTGAAAACCTTG
 CTACGATCTAATCCTCCAATACTACAGTGGACCGCATCGGTTTACAGATCCAAATCCAATCTTCC
 AAGAAACGCAAGAGTCACGATTCATCATCATCGTTGAACAGTCCAAGCTGCGTGATTGATGCAA
 ACCCTTTCAATAGCGACGAAAGCTCAAACGATTTCGTGGTCAGCGAGTTCGTGCAACCCACCAAC

5

FIGURA 5 (continuación)

GTCGTCGTCGTCCTCCCGCAGCAACAACCTCCATTGAAGAAGATGAGAGGAGCTGAAGAGAATGAG
 AAGAAGAAGCCGATTTTGCATCTGCCATGGGCAATCGTAGCCACTCCATAATCGAAAGCTCGAT
 TTCGTTTATATGATATTTACTGTTTTTTTTTAACTTTGAGAACAATCTTTGTTGTATTAAGCTTT
 ACCCGTTTGCATATACGAAATGTCGCGAATGCCCTTACGTGCCATGGCTTGATAGAGTTAATGG
 GTAAAGGGTATTCATGACATTTGACTGCATGGGATGTGACGAAGGAGAGAATTAGAAATAATAA
 TAATAATATTGCGTAAATTTTGAGGCTTGCCCAATCTTTGGGCCGT

SEQ ID NO 11: secuencia de proteína deducida (At4g34160 NM_119579 de ciclina delta-3 (CYCD3) de *Arabidopsis thaliana*)

MAIRKEEESREEQSNSFLLDALYCEEKWDDEGEEVEENSSLSSSSSPFVVLQQDLFWEDEDLV
 TLFSEEEQGLSCLDDVYLSTDRKEAVGWILRVNAHYGFSTLAAVLAITYLDFKICSYSLOQDK
 PWMLQLVSVACLSLAAKVEETQVPLLLDFQVEETKYVFEAKTIQRMELLILSTLEWKMLITPI
 SFVDHIIRRLGLKNNAHWDPLNKCHRLLSVISDSRFVGYLPSVVAAATMMRIIEQVDPFDPLS
 YQTNLLGVLNLTKEKVKTCYDLILQLFPVDRIGLQIQSQSSKKRKSHDSSSLNSPSCVIDANPF
 NSESSNDSWSASSCNPTSSSSPQQQPPLKKMRGAENEKKKPIHLPLWAIVATP

5 SEQ ID NO 12: secuencia de ADN (At5g67260 NM_126126 de ciclina delta-3 (CYCD3) *Arabidopsis thaliana*)

AAGGCGTGAGATAATAAAACCCCTTTGGCTTTCTCATAGAGATTTGTCCGGTCTCTTGTTCCTCT
 TTCTCCTTTCTTCACTGTAGAATCCGTCGACCAACAACCTAGCTCCAATGGCATAATGAGCATF
 GTAGTTTGCAATTTCTTCTTCCGTGAAGAAGAAGAAGATGGCTTTGGAGAAAGAGGAAGAAGCG
 TCACAAAACGGTGCGTTTTGTGTCTTGTATGGGCTCTATTGCGAGGAAGAAACCGGGTTGTGG
 AGGACGATCTTGATGACGATGGAGATTTAGATTTTCTCGAGAAATCTGATGAGAGTGTGTAA
 GTTTCAGTTTTTTACCTCTTTTGGATATGTTCTTATGGGATGACGATGAGATTCTGAGTTTGAT
 TCAAAGGAAAACGAAACGAATCCATGTTTTGGGGAACAAATCTTAGATGGCTTTTTGGTTTCTT
 GTAGGAAAGAGGCTTTAGATTGGGTTCTTAGGGTTAAATCTCATTTATGGGTTTACTTCATTGAC
 GGCTATACCTGCTGTGAACCTACTTCGATAGGTTTATGACAAGTATAAAGCTTCAGACTGATAAG
 CCATGGATGTCTCAGCTTGTGCTGTGGCTTCTTTGTCTTTAGCTGCTAAAGTTGAAGAGATTC
 AAGTTCCATTGCTCTTAGACCTCCAAGTGGAAGAAGCAAGATATCTCTTTGAAGCTAAGACGAT
 TCAAAGAATGGAGCTTTTGATTCTTTCTACTCTTCAATGGAGAATGCACCCTGTGACTCCAATC
 TCTTTCTTTGATCACATTATCCGGCGATTTGGCTCTAAATGGCACCAGCAATTAGACTTCTGTA
 GGAAGTGTGAGCGTCTTCTGATCTCTGTTATTGCTGATACGAGGTTTATGAGGTACTTCCCTTC
 TGTCTTAGCTACTGCAATAATGATCCTTGTCTTCGAGGAATTGAAGCCATGTGATGAAGTTGAA
 TACCAATCTCAAATAACGACTCTACTCAAAGTCAATCAGGAGAAAGTAAATGAATGCTATGAAC
 TGTGTTGGAGCACAATCCAAGCAAGAAGAGGATGATGAATTTGGTTGATCAGGACAGTCCAAG
 TGGTGTATTAGACTTTGATGACAGCTCAAATAGCTCCTGGAATGTCTCCACTACTGCTTCAGTG
 TCCTCATCATCTTCGTCTCCAGAGCCTCTGCTCAAGAGAAGAAGAGTTTCAGGAGCAGCAAAATGA
 GATTGCCCCAATAAACCCTATGTTTCTCGATGTGCTTAGTAGTCCTCGCTAGTACCTTTCTTT
 GATCAAATGTGTCAAAACATAAAATCAATCTCTCTTTTGTCTATTATATCGGCCATCGGCTAC
 AATTTGAAGGCAGAACATTTTGTGATAACTCTAAGTTAATCTGCCTCTTAAATCATAATATTC
 ATTGATC

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 13: secuencia de proteína deducida de (At5g67260 NM_126126 de ciclina delta-3 (CYCD3) de *Arabidopsis thaliana*

MALEKEEEASQNGAFVLDGLYCEEETGFVEDDLDDGDLDLFLEKSDESIVVKFQFLPLLDMLFW
DDDEILSLISKENETNPCFGEQILDGFLVSCRKEALDWVLRVKSHYGFTSLTAILAVNYFDRFM
TSIKLQTDKPWMSQLVAVASLSLAAKVEEIQVPLLLDLQVEEARYLFEAKTIQRMELLILSTLQ
WRMHPVTPISFFDHIIRRFSGKWHQQLDFCRKCEKRLISVIADTRFMRYFPSVLATAIMILVFE
ELKPCDEVEYQSQITTLKVNQEKVNECYELLLEHNPSKKRMMNLVDQDSPSGVLDFFDSSNSS
WNVSTTASVSSSSSSPEPLLKRRRVQEQQMRLPSINRMFLDVLSSPR

5 SEQ ID NO 14: secuencia de ADN AY340588 de ciclina D3-2 (CycD3-2) de *Euphorbia esula*

TTTTTTTTTCTTCTCTGCCTCTCTATCCATTCTTCTCTCTCTCTGTCTCTGCTATCAATAGA
CCCCTAGTGAGAGAAACAGAGATAAAGCAAATTGTATGGTGATATGATTTGCAATGAGATTGAG
ATTGGGATTTTATTTTCTTTGATGGTATAATGAGCAAAGGATTGAATCTCTTCTCTCTGAAGA
AGAACAAAATGGAAGACAGCACTCAGATTTTATTGATTTTGTATGGGTTGTACTGCGAAGAAC
AAGGCATTGGTGAAGATTTTACGATGGGAATGAAGATTATGTGAAAAGGAGTTATCTTTATC
TTCTGTTTTGCTTGAGCAGGACTTGTTTTGGACCGATGATGAGTTGTTAAATCTGATTTCAAAA
GAAAAGAGACTCATTTTAGTTTTGGGGATTTTTCTCTCATGGGTCTTTAATGGTGGCTCGTA
AAGAGGCAATAGATTGGATTTTGGAGGTAAGAGGTTTTATGGATTCAATGCTTTGAGCTGTGT
TCTTGCTGTTAATTATTTTGTATAGATTTCATTTTCGAGTTTAGTTTTTACAAGAGATAAACCATGG
ATGGGTCAACTTGCTGCTGTTGCTTGTATCTTTGGCTGCTAAAATGGAGGAGACTCAAGTTC
CTCTTCTCTAGATTTACAAGTGGAAGAATCAAAGTATGTGTTTGAGGCAAAGACTATAAAGAG
AATGGAGCTTCTTGTGCTCTCTACTCTTCAATGGAGGATGAATCCTGTGACCCCAATTTGCTAC
TTTGATCACATTATAAGGAGGCTAGGACTTAAAAACCATCTGCATTGGGAATTTTTGAGGAGAT
GTGAGCTTTTACTTCTCTCTGTCAATTTCTGATTCAAGATTCATGAGTTATGCACCTTCTATATT
AGCAACTTCAATTATGATCCATGTGATTAAGGAGGTTGACCCATTTAGTCAAATGGAATACCAG
AACCAGCTTTTGGATGTGATCAAAATCAACAAGGAGGAAGTGAACCAGTGTACAAGCTCATCT
TGGAGCTATCGGGTAAGCAAGATCAAGGGTACAAACGCAAGTATCCCTCAAGACCCGGGAGCCC
AAATGGTGTGATTGATGCCTATTTTAGTGGAGATAGCTCGAATGATTCGTGGGGAGTTTCTTCC
TCAATCTCATCATCACCATCGATTCCTCGATTTAAAAGGATCAAATCCCAGGATCAACAGATGA
GGTTGCCTTCAATAAACCGTATGTTTGTGGATGTGCTTAGTAGTCCTCATTGATCTTTTACTTT
TGTTATCTATTGCCTACTTCGAAACAATGCCATTATAAATTTCTCTATTTTGCATATTATTTGT
ATNCCCGTGGTTACTTGGGTACATTTCCGGCCTAATATTTGAACTCACTCAAGCTAGACAAAT
GAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 15: secuencia de proteína deducida de AY340588 de ciclina D3-2 (CycD3-2) *Euphorbia esula*

MEDSTQISLIFDGLYCEEQIGIGEDFDDGNEDYVKKELSLSSVLLEQDLFWTDDELLNLISKEKE
THFSFGDFSSHGSLMVARKEAIDWILRVKGFYGFNALSCVLAVNYFDRFISSLVFTRDKPVMGQ
LAAVACLSLAAKMEETQVPLLLDLQVEESKYVFEAKTIKRMELLVLSTLQWRMNPVTPICYFDH
IIRRLGLKNHLHWEFLRRCELLLSVISDSRFMSYAPSLATSIMIHVIKEVDPFSQMEYQNQL
LDVIKINKEEVNQCYKLILELSGKQDQGYKRKYPSPRPGSPNGVIDAYFSGDSSNDSWGVSSSIS
SSPSIPRFKRIKSQDQQMRLPSINRMFVDVLSSPH

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 16: secuencia de ADN AY340589 de ciclina D3-1 (CycD3-1) *Euphorbia esula*

AAAGAATTCCCTACAACCTATGCCTTCTTCCCCACTCAGATACCCAAATAAAAACACATACCCCTT
AGATAACTGGTCACTACCCCTCTTCTGCTCTTTTGTCTTTTGACAAAGAGAGAGAAATGGC
TCAAACCTGAGTCTTTAACTCTCTCTTTAATGTTTCATCTTCTATTCCCTTTGCCCTATAATGAACC
CCAATCTCAATTKTATCTTCTTAGAAAGAAGATGGCAAATCATTCTCCATTATTTCTCTATGAT
GCTCTTTACTGCTCAGAAGAAGATAACTGGGAAGGAGAAGTTGTTGATATTTTTTCATGAACAAG
AAGATCAAGGAGAAAACACCTCTGTCTTTCCCCAAAATTCTTCCCAGTAGACTTAAATTGGGA
AGAAGATGAGCTTACGTCTGTATTTTCTAAACAAGAGCAAAACCAACTATATAAAAACTAGAA
ATCAACCCATGTCTAGCTAAATCTCGCCGTGATGCTGTGGATTGGATGATGAAAGTCAATGCCC
ATTACTCTTTTCACTGCTTTGACTTCAGTTTGGCCGTTAATTTCTTGATAGATTCTCTTTTAG
CTTCGATCTTCAAACGGAGAAGCCATGGATGACCCAGCTCACAGCTGTAGCTTGTCTCTCCTTA
GCAGCAAAAGTAGAAGAGACACAAGTCCCACCTTTTATTGGACCTTCAGGTGGTGGACAGTAAGT
ATGTGTTTGGAGCTAAACTATACAAAGAATGGAGCTTTTGGTGCTTCTACTCTTCAATGGAG
AATGAACCCGTGAACCTCATTATCATTTATTGATTACATGACAAGAAGGCTTGGTTTTAAGGAT
TATCTTTGCTGGGAATTTATCCGGAGATGCGAGCTTATTGTTCTCTCTATAATCTCAGATATGA
GATTTATACCTTATCTCCCTAGTGAAATTGCTTCCGCAATAATGCTACATGTGATTAATGGTAT
AGAACCCAGTCTTGGAGATGAATTCGAAACCCAGCTATTCCGGATCTTGGGAATTGATAAGGAG
AAGGTGAATAATTGCAGAGAAATGATAATCGAGTTAGGATCAAGATATTACGGCAACCAATCAA
ACAAAAGAAAATACGGGTCCGATCCGGGTAGTCCAAATTGCGTAATGGATGTCTCATTTAGTTC
AGATAATTCAAACGATTCTTGGGCAGTCGGATCTAAATCATCATCAGTGTCTTCTCACCCGCG
GCGAAGAAACTCAGGGCAGTTTCAGGGATGAACCATGAAAATGCGATAATACTTTTCTAAGCAT
GAACATTTTTTAATCCTTAAATCTTTTAAATTTATTTCAATTTGAATCCCCCTTTTGAGGACTTG
GTTGTATTAACTGTTAATAATTGATGTTGTTAGTTAAATTGCCGGGCATCTCTGCTTCTCCAA
TCTCAATTAAATCTTAATTAGAATTTTGAAGCAGAGATGGTTGGCATTTTATCCGGAATTA
GTAGTAAAAGAGAAATTGCACTAAAAAAA

SEQ ID NO 17: secuencia de proteína deducida de AY340589 de ciclina D3-1 (CycD3-1) de *Euphorbia esula*

MANHSPLFLYDALYCSEEDNWEGEVVDIFHEQEDQGENTSVFPQNSSPVDLNWEEDELTSVFSK
QEQNQLYKKLEINPCLAKSRRDAVDWMMKVNAHYSFTALTSLAVNFLDRFLFSFDLQTEKPWM
TQLTAVACLSLAAKVEETQVPLLLDLQVVDISKYVFEAKTIQRMELLVLSTLQWRMNPVTPLSFI
DYMTRRLGFKDYLCWEFIRRCCELIVLSIISDMRFIPYLPSEIASAIMLHVINGIEPSLGDEFET
QLFGILGIDKEKVNCREMIIELGSRYYGNQSNKRKYGSDPGSPNCVMDVSFSSDNSNDSWAVG
SKSSSVSSSPAACKLRAVSGMNHENAILLS

5 SEQ ID NO 18: secuencia de ADN AY033440 de ciclina D3 de *Helianthus annuus*

AATACCCAATGGCCATTTTATCACGATATTCATCTTCGAACACACTCTTCTGCATTGAAGAACA
AGTTCATGAAGATGAAGATGAGTTAACACATCAAGATTCTCTGCAATCCATCCATTAGACCTA
CAAGATTTGTGTTGGGAACATGAAGAACTTGTCTCTCTTTTACAAAAGAAGAACAACAAA
AGCAAACCCCTTGGCCTTCTTCTTGTACTTTGTCTTTTCGTAAAGAGGCTGTGGATTGGATCCT
TAAAGTCAAAGGTTGTATGATTCACACCTCTAACAGCCATTTTAGCCATCAATTATCTTGAT
CGGTTTCTGTCCAGTCTCCATTTTCAAGAAAGCTAACACACCTTGGATGATTCACCTTGTGTGCTG
TTACTTGTCTTTCTTTGGCTGCTAAATTCAGAAACTCATGTGCCCTTTGCTCTTAGATCTTCA

FIGURA 5 (continuación)

GCTAGAGGAGAGTAAGTTCTTGTGTTGAGGCCAAGAACATACAAAAGACGGAGCTTTTGGTGATG
 TCAACACTGAAATGGAGGATGAACCTAGTGACACCAATCTCATTTCTTGATCACATTGTAAGAA
 GGCTTGGATTATCAAATCATCTTCATTGGGATTTCTTCAAGAAATGTGAAGCTATGATTCTTTA
 CCTAGTGGCTGATTCAAGATTTGTGTGCTATAAACCATCTGTGTTGGCAACCGCTACAATGCTT
 TGTGTTGTAGAGGAAATCGACCCGACCAATTCATTGGCTACAAAAGTCAACTTCTGGATCTTC
 TCAAAACCACTAAGGACCACATAAATGAGTGTTACAAGCTTGTATGGATCTATCCTATGATAA
 TCACAACAAAGGAAAGCGTGATGAAAACGAGAGAACAATTTATCCGGTTAGTCCAGCTGGTTTTT
 ATTGGTTTTTATGTGCCACGAAAGTTCAAATGATTCATGATCCTCGCTCAAGAATTGATCAATAA
 TTAGGGTTTTGGCTCACTTGTAAGCTTTAAACCACTCGCAAGCACTCGTTATCCATAACCTATAC
 AATCAGCAGAAGTTGCGCTAATAATAGACCCGTCGGTCCACCACTAGTTATGTTGTATGGTATG
 GTCTTTAATTTCTCTGTTGTTTATAGGTCGTTTTTAATGTGAGATAAGTTAAACTCGGTGATGTT
 ATCATGTCTTATTCAAGCAATGAATTTATATATTTTACATC

SEQ ID NO 19: secuencia de proteína deducida de AY033440 de ciclina D3 de *Helianthus annuus*

MAILSRYSSSNTLFCIEEQVHEDEDELTHQDSSAIHPLDLQDLWEHEELVSLFTKEEBEQKQT
 PWPSSCTLSFRKEAVDWILKVGCHGFTPLTAILAINYLDRPLSSLHFQKANTPMMIHLVAVTC
 LSLAAKIQETHVPLLLDLQLEESKFLFEAKNIQKTELLVMSTLKWRMNLVTPISFLDHIVRRLG
 LSNHLHWDFFKKCEAMILYLVDLSRFVCYKPSVLATATMLCVVEIDPTNSIGYKSQLDLLKT
 TKDHINECYKLVMDLSYDNHNKGRDENERTIYPVSPAGFIGFMCHESNDS...

SEQ ID NO 20: secuencia de ADN AY063461 de ciclina D3 (CycD3;1) de *Helianthus tuberosus*

TTGAACCTTCATTTCTTTCTTTCTTTCTTTCTAATCACCAACCCCAATGGCCATTTTATCACC
 ATATTCATCTTCTTTCTTTAGACACACTCTTTTGCAATGAACAACAAGATCATGAATATCATGAA
 TATGAGTATGAAGATGAATTTACACAAACCACCCTCACAGATTCATCTGATCTCCATCTTCCCC
 CCCTGGACCAACTAGATTTGTCTATGGGAACATGAAGAGCTTGTGTCCTTGTTCACAAAAGAACA
 AGAGCAGCAAAAACAAACCCCTTGTACTCTCTCTTTTGGCAAACTAGTCCCTCAGTTTTTGTCT
 GCTCGTAAAGAGGCTGTAGATTGGATCCTTAAGGTCAAAGTTGTTATGGATTACACCTCTTA
 CAGCCATTTTAGCCATCAATTATCTTGATAGGTTTCTTTCTAGCCTCCATTTTCAAGAAGATAA
 ACCTTGGATGATTCAACTTGTGCTGTTAGTTGTCTCTCTTTAGCTGCTAAAGTTGAAGAACT
 CAAGTGCCACTCTTACTAGATCTTCAAGTAGAGGACACTAAGTACTGTTTGAGGCTAAAAACA
 TACAAAAAATGGAGCTTTTGGTGATGTCAACTTTGAAATGGAGGATGAACCCAGTGACACCAAT
 CTCATTTCTTGATCACATTGTAAGAAGGCTTGGATTAAGTATGATCATGTTTCATTGGGATTTTTTC
 AAGAAATGTGAAGCTATGATCCTTTGTTTAGTTTCAGATTCAAGATTCGTGTGTTATAAACCAT
 CCGTGTGGCCACAGCTACAATGCTTCACGTGTGTAGATGAAATTGATCCTCCCAATTGTATTGA
 CTACAAAAGTCAACTTCTGGATCTTCTCAAAACCACTAAGGACGACATAAACGAGTGTTACGAG
 CTCAATGTCGAGCTAGCTTACGATCATCACAAACGAAAACATGATGCAAACGAGACAACAA
 CCAATCCGGTTAGTCCAGCTGGCGTGATCGATTTCACTTGTGATGAAAGTTCAAATGAGTCATG
 GGAACCTAATGCTCATCATTTCCGCGAGCCTTCATTCAAGAAAACAAGAATGGATTCAACAATT
 CGGGTTCGGGTTTGGTTCACTTATAAGCTTTAATCGAGGGTAGTTGTAAACATGTAATCCGCAT
 GCACGCTATTAATCCTACGGTCCACTACTACATATAATCGGCTATAAAATTATAGGTTAAGAT
 GACCAGTCGTAGGCGTCGAGATGTCCTTATGGTTGGTCAATTTCTCTATGGTTTATAGGTCGTTT
 TTAATGTGAGATAAAATTAAATTCGGTATGTTAAGTCTTTATCAAGCAATGGACGTTATATTTAT
 TGTTTGATATTGAGAATTAAATTCATGGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

5

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 21: secuencia de proteína deducida de AY063461 de ciclina D3 (CycD3;1) de *Helianthus tuberosus*

MAILSPYSSSFLDTLFCNEQQDHEYHEYEYEDEFTQTTLTDSSDLHLPPLDQDLDSWEHEELVS
LFTKEQEQQKQTPCTLSFGKTSFSVFAARKEAVDWILKVKSCYGFTPLTAILAINYLDRFLSSL
HFQEDKPWMIQLVAVSCLSLAAKVEETQVPLLLDLQVEDTKYLFEAKNIQKMELLVMSTLKWRM
NPVTPISFLDHIVRRLGLTDHVHWDFFKKCEAMILCLVSDSRFVCYKPSVLATATMLHVDEID
PPNCIDYKSQLLDLLKTTKDDINECYELIVELAYDHHNKRKHDANETTTNPVSPAGVIDFTCDE
SSNESWELNAHHFREPSFKKTRMDSTIRVRVWFTYKL

SEQ ID NO 22: secuencia de ADN de AF519810.1 de ciclina D3.1 de *Lagenaria sicesaria*

AAGAGCACAAGAAAGCTCATCCTTAAGTCTTCTTTCACAGGGCTGGTTGCTTCTGTGACGGG
GATTCGGGTGTGAGCTTTTTTATTTTCTCCGTGTCTCGTACCCCTCGGAGGGTTAGTCTTATG
AGCTCCCGGTGTCTCGCTGCTCAATTCAGCTTTGAGGTCTCTCTTCTTTTCCACTCTGAAT
AAGATAGAGGAAAAGAGAGAAACCCAGCTTACAGCCATGGGTGAGGATTGGTCTTCTTCGCCA
TTTTCTCTGTTTTTTCTCCATTTCTTCTCTCAAGCTCTACAATGAACCAAAATCACAGCCTCT
TTCTTCTCAGAAGAAGATGGTACCACCGTATGCGCTTGATTCTCTTTATTGTTTCAAGACCAC
TGGGAGAACGACGACGAAGAAGAAGAAAGGGGTTTTTCATGAGCAACCTTATTCTAATTTAACAA
CCGAATCAAGTTCTCCGATTCTGGCAGTGGCAGAGCAGGATCTGTTTTGGGAAAACGATGAATT
AATTTCTCTGTCTCAAGAGAGAAGCCTAATGAACGTGTTTAAAACCATTCAGATTGACCCCTCT
CTTGCTGCCGCCGACGAAGCGCCGTCGGGTGGATGCTGAAGGTTAATGCCCATTTATCTTTCT
CTGCTCTCACTGCGGTTCTCGCCGTCGATTATTTGGATCGGTTTCTGTCTCTGTTTCTATTTTCA
AAGAGACAAGCCATGGATGTCTCAGCTTGCTGCTGTGCTTGTATCTCTCTTGCTGCCAAAGTA
GAGGAGACCCAAGTCCCTCTTTTATTGGACCTACAAGTGGAAGACAGTAGATATCTATTTGAAG
CCAAGACAATTAAGAAAATGGAGCTTCTTGTGCTCTCTACGCTTCAATGGCGGATGAATCCTGT
TACCCCATTTTCTTTTGTGGATTATATCTCAAGGAGGCTTGATTCAAGGAACATATCTGCTGG
GAAATTTCTTTGGCAGTGTGAGCGAACTATTTCTCTGTATTATTTAGAGTCAGATTTATGTCCT
TTCTTCTTCTGTAAATGGCCACCGCTACAATGCTGCACGTTTTCAAAGCTATGGAAGAACCAC
CCTCAGCGTTGAATACGATTCCCAGCTTCTTAACATCCTCGGAATCGACAAGGGGAATGTGGAA
GAATGCTGTAAGCTGATCTCAAATGCATCAAGAAGAAACGGCAACCAATTCAAGAAACGTAAAA
TTGGGTGATTCGGGTAGCCGAACGGCGTGATGGACGTGTCATTTCAGCTCCGATAGCTCGAA
CGACTCGTGGTCAGTGGCCTCGTCAGTTTCATCTTCGCCAGAGCCATTAACGAAGAAGAACAGA
GCCAATGGATCAATGTCTGGAGATTGCGAAACATTCAGAACCCTCTCTAATTAACCTCCCTTT
CTTCTTTTCTCTCGTAATCCTTGTATGTTGAATAAGAATTAGAATCAATCTTTTATTTATCGA
ATTCTGCGAGTTAAATTGCCTTACCATCTCTGCAGTTAAGAGCCAATGGATGGGCAATCGGAAG
TTTAAAACGCAGAGATGGCTGGCATTTTATCCGGATGCAAAGGACATTGAACGTATAACAATGA
AGAGTAGTTTAAGTTGTTTAAAAAGAAAA

5 SEQ ID NO 23: secuencia de proteína deducida de AF519810.1 de ciclina D3.1 de *Lagenaria sicesaria*

MVPPYALDSLYCSEDHWENDDEEEERGFHEQPYSNLTTESSSPILAVAEQDLFWENDELISLFS
REKPNELFKTIQIDPSLAAARRSAVGWMLKVNAYSFSALTAVLAVDYLDRLSCPHFQDKPW
MSQLAAVACISLAAKVEETQVPLLLDLQVEDSRYLFEAKTIKKMELLVLSTLQWRMNPVTPFSF
VDYISRRLGFKHEHICWEILWQCERTILSVILESDFMSFLPSVMATATMLHVFKAMEEPTLSVEY
DSQLLNILGIDKGNVEECKLISNASRRNGNQFKRKIGSIPGSPNGVMDVSFSSDSSNDSWSV
ASSVSSSPEPLTKKNRANGSMSGDCETFRTLS

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 24: secuencia de ADN de AF519811 de ciclina D3.2 de *Lagenaria sicesaria*

TGGACACGAATTTCTTCGACTAGTAAGCACCAAAAGCTCCATAAAAAGAGAAAAAAAAAAGGGGG
GAAATGGGGTTTCTCTTCTCTCCCTATAATGACTCCGCAATACTCAATCCTCTTCTTCCAAGA
AGAAGAAGATGAAGAAGATGGCTTTGCACTCAAATAAACACAGAACCCCAACGCCTCCATAACTC
TCTCTTCTTCTTCGACTTCCCTCCACTGCACTGAACAACAACACCTTCAAACAGAGCATCCCATT
TTCCCTTAACAATGGGGGCACCAACGACTTCCCTCTTTTCCAACAAACAACCACCCATTTCTCTTG
TTTACGAAGACGAGGAGCTCAATCATTGTGTGTCCAAAGAAAAGGACCAAAATCTCCAAACCGG
TGCTGTTTTGAAAACCTTGGTTCAAACAGATAATGCTCTGTCTCTCGCTAGAACAGAGGCCATC
GACTGGTTGCTTAAAGTTAATGCCCTTTTATGGTTTCTCTCTCTCACAGCTCTCTTAGCCATTA
ATTACCTCGATAGAATCCTCTCTGGGCCCTATTTTCAAAGAGATAAGCCATGGATGCTTCAGCT
TGCTGCTGTAACCTTGCATCTCTTTAGCTGCTAAAGTCGAAGAAATTCGTGTCCCTCTTCTTCTA
GACCTCCAGGTGGAAGATTCAAAGTACATTTTTGAAGCGAAAAACGATACAGAGGATGGAGCTTT
TAGTGCTTACTGCTCTGCAATGGAAGATGCACCCAGTGGCCCCCTGTTTCGTTTCTTGGCATTAT
CACAAAAGGACTTGAATGAAGAATCAGTACATTCAAAGAGAGTTTCTTTAGACGCTGTGAGCGT
ATTCTTCTCTCTCTCGTCTCTGATTTCGAGATCGGTGGGGATTCTTCTTCTATAATGGCGGTAT
CAGCAATGGTGAGCGTTGTTGAAGAGATGGGAACTGTAACCCATTGGAGGAGTTTCAGGATCA
GCTTCTTAATGCCCTCAAAATAAATAAGGGGAGAGTGAAGGAGTGTGTAAGTGATAATGGAG
GCAAAAATAAAAGGATCAGGGAAGAGGAAGCATGTGGAGGAGGAAGCAGAAGCAGAAGCAGAAT
CAGAATCATCAGAAGCAGAAACAGAGGGAGAAGCAGAAGCAGAAGCAGGGAGCCCAATGGAGT
AATGGAGGCTAATTTTCAGCTGTGAAAGCTCCAACGATTTCGTGGGAAATGGGGACGATTGTGTCA
GAATACACACATTTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCCAAAAGAATCAGACCCACTCGATGAA
TTATTTGAATAATGAATTGAACCAATTTGCAGAGATTCAATATCCATTACATTAGCCTTCCCC
TGTTCTGAAATGGCACATTGGCAAACACACAAAAACCAGAGACAAAAAGTGGGGAAAAACAGA
GAAGTAATGATGACGATGATGATGAGAGAGGTTGTTCTTCTTCTTCTTTATAGCTCATTAATTA
TGTTGTATATGATGAAATGATGAGTATTTGCTTCTATTAATATTGCTCTCTTCTTCATTTCAA
AAAAAAAAAAAAAGTTGACCACGCGTGGCC

SEQ ID NO 25: secuencia de proteína deducida de AF519811 de ciclina D3.2 de *Lagenaria sicesaria*

MKKMALHSNKHRTQRLHNSLFFFDLHCTEQQHLQTEHPIFLNNGGTNDFPLFQQTTHFLVYE
DEELNHLLSKEKDQNLQTGAVLKTLVQTDNALSLARTEAIDWLLKVNAFYGFSSLTALLAINYL
DRILSGPYFQDKPWMLQLAAVTCISLAAKVEEIRVPLLLDLQVEDSKYIFEAKTIQRMELLVL
TALQWKMPVAPVSFLGIITKGLGMKNQYIQREFLRRERILLSLVSDSRVSGILPSIMAVSAM
VSVVEEMGNCNPLEEFQDQLLNALKINKGRVKECKVIMEAKIKGSGKRKHVEEEAEAEAESES
SEAETEGEAEAEAGSPNGVMEANFSCSSNSDSWEMGTIVSEYTHFSSSSSSSSSKRIRPTR

5 SEQ ID NO 26: mRNA de *Lycopersicon esculentum* para secuencia de ADN de AJ002588 de ciclina tipo D

CTCCTTTTGGCTCTTCTATTCCTCTCTCTCTTCCCTTTTCTGTCTTTAGAGAGAGAAA
AAAAATCCATAAGCCAAGCAGCAGATATGTTACTGGGTCCAAGATTGAGTTTGGCTTACCTTA
AAGATAATGAGTAGAGCCTTCATTGTCTTCTTCCCTCTAGAAGAAGGAGAAGATGGTTTCCCT
TTAGATTCCAGCTCCAAAATCCTATTTCTGCTCTTCTTGATGGCCTTTACTGTGAGGAAGATC
GATTCTTGGATGATGATTAGGGGAATGGTCTAGTTTAGATGTCGGAATGAAATGTTAAAAA

FIGURA 5 (continuación)

GACTCTGCCTTTTATTAGAATGTGACATGTTTTGGGAACATGATGAGCTTGCCACACTTTTATCT
 AAGGAAAATGAGTTTCATTTGGGTTTTCAATCTTTAATCTCAGATGGGTCTTTAATGGGGGCTA
 GAAAAGAGGCTTTGGATTGGATGTTGAGGGTCATTGCTTACTATGGTTTTACTGCTACCACTGC
 TGTTTTAGCTGTGAACATTTTTGATAGGTTTGTGTCTGGATGGTGTCTTCAGAAAAGATAAGCCT
 TGGATGAGTCAGCTTGCTGCTGTTGCCGTCTTTCCATTGCTGCTAAAGTGGAGGAGACCCAAG
 TTCCCCCTTTTGTAGACCTACAAGTTGCTGATTCTAGATTTGTGTTTGGAGGCAAAGACTATACA
 GAGAATGGAACCTTTGGTGCTTTCTACTCTTAAGTGGAAAATGAATCTGGTGACACCATTATCT
 TTCATTGATCATATTATGAGGAGATTGGATTTCATGAGCAACCTGCATATGGATTTTCTTAAGA
 AGTGTGAACGCCTCATTCTTGATATCATCACTGATTCTAGGCTCTTGCATTATCCTCCATCTGT
 TATTGCAACTGCATCGATGTTTTATGTGATCAATGACATTGAGCCTAGCAATGCTATGGAATAC
 CAAAATCAGCTCATGAGTGTTCTTAAAGTCAGAAAGGACATCTTTGAGGAATGCCATGATCTTA
 TCTTTGAGCTAATGGACACTGCCTGTTACAAGCTCTGCCAAAGCCTCAAGCGCAAACATCATTC
 AGTACCTGGTAGTCCAAGTGGTGTTATTGATGCATATTTTAGTAGTGAGAGCTCGAATGAATCA
 TGGTCAGTAGCATCTTCGATTTTCATCCTCACCTGAGCCTCAGTATAAGAGAAACAAAACCTCAAG
 ATCAGCGAATGACACTAGCTCCACTGGGTAGTAATCTTCACTGATCGATATCTTGTCTCTAGA
 TTACCTAGTATTTTCGGCAATGGTPTACTCTCTTTTTTGGTATGTTCTCTTAAAAATGCAATTGC
 ACAATGCTCTGATGCTCCATTTAAGTTTTACTGGACTTAATTTGTCCGATGATCGTCTAGACTA
 TGTGAACATCAACTCCACCCCTCCTTCATTGGACATGGGATGGTGGAGTTTTCCCTTGAGT
 TGAATCAATGCTGCTGAATTATGTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 27: mRNA de *Lycopersicon esculentum* para secuencia de proteína deducida de AJ002588 de ciclina tipo D

MVFPLDSQLQNPISALLDGLYCEEDRFLDDDLGEWSSLDVGNENVKKTLPILLECDMFWEHDELA
 TLLSKENEFHLGFQSLISDGLMGARKEALDWMLRVIAYYGFTATTAVLAVNYFDRFVSGWCFO
 KDKPWMSQLAAVACLSIAAKVEETQVPLLLDLQVADSRFVFEAKTIQRMELLVLSTLKWKMNLV
 TPLSFIDHIMRRFGFMSNLHMDFLKKCERLILDIITDSRLHYPPSVIATASMFYVINDIEPSN
 AMEYQNQLMSVLKVRKIDIFEECHDLILELMDTACYKLCQSLKRKHHSVPGPSGVIDAYFSSSES
 SNESWSVASSISSSPEPQYKRNTQDQRMTLAPLGSNLH

5 SEQ ID NO 28: mRNA de *Lycopersicon esculentum* para secuencia de ADN de AJ002589 de ciclina tipo D

ACAGAGATATTAGAAGGGGAAAAAATGGCAATAGAGAATAATGATCAATCTTTTTTTTAGAT
 GTGCTTTACTGTGAAGAAGAAGAAGAAAAATGGGGTGATTGTTAGAGGATGAAGAAGGGGTTA
 TTATTAACCCATTGTTGTTATCTTCCGAAGGAACAACAAAACTAATCTTTATTATTATTACC
 TCTGCTTCTGTTGGAACAAGATTTGTTTTGGGAAGATGAAGAGCTTCTTCACTTTTCGTAAA
 GAAAAAGAACTCGTTGTTGTTTTGAAAGTTTTGGGAGTGACCTTTTCTCTGTTTCAGCTCGTG
 TTGATGTTGTTGAATGGATTCTTAAAGTGAATGCTCATTATGATTCTCAGCATTGACTGCCAT
 TTTAGCCATTAATTATCTTGACAGGTTTCTTTCTAGCCTTCAATTTAGAAAGATAAGCCATGG
 ATGACTCAACTTGCTGCTGCTCACTTGTCTTTCTTTAGCGGCTAAAGTTGAAGAACTCAAGTTC
 CCCTTCTTCTTGACTTCCAAGTGGAGGATGCAAAATATGTGTTTGGAGCAAAGACTATACAAAG
 AATGGAGCTTCTGGTACTGTCACTGAAATGGAGGATGAATCCAGTGACCCCACTTTCAATTT
 CTTGATCATATTATAAGAAGGCTTGGGCTAAAGAACAATGTTTCATTGGGAATTTCTCAGAAGAT
 GTGAAAGTCTTCTTCTATCTGTGATGATTGATTGTAGATTTGTACGTTATATGCCTTCTGTATT
 GGCTACTGCAATTATGCTTCATGTTATTCATCAAATTGAGCCTTGTAATGCTATTGACTATCAA
 AATCAACTTCTTGGGGTTCTCAAAATAGCAAGGAGAATGTGAATAATTGCTATGAACATCATAT

FIGURA 5 (continuación)

CCGAAGTGTGTCATCAAAGCCTATTACATCACACAAACGCAAATATGATGAAAATCCCAGTAGTCC
 AAGTGGTGTAAATAGATCCAATTTACACTTCAGAAAGTTCAAATGATTCATGGGATTTAGATTTG
 CCTTCGTTCAAGAAAAGCAAAGTTCAAGAACAGCAAATGAAAATGTCATCATCATTGAGCAGAG
 TTTTGTGGAAGCTGTTGGTAGTCCCTATTAAATGTCTCTTTTAAATATTTTAATTACATATT
 CAAGAAGTATTTTGCTGTTATGTGTTAGCTGTGGTTGTTGGCAGAGAAGAGAAGATGAGTGGCT
 TTATTTTTTGCAGGAGTGTAGTCTACTACTACTGTGAAGCCAGAGAGAGAAAAGAGAAAAGA
 CAGAATATGTGCAATCTTTGTTTTCTCTCTATTTATTTCAATTTTCTCTCTCAAGTCACTTTC
 ATGCATGCATACTTTTGATGGACTACTCTATTTATATTGCCTTTACTTATTAGTACTTAATATA
 TATATATATATATATATATATATAAATCATATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 29: mARN de *Lycopersicon esculentum* para secuencia de proteína deducida de AJ002589 de ciclina tipo D

MAIENNDQSFFLDVLYCEEEEEKWDLLEDEEGVIINPLLLSSEGTTKTNLLLLPLLLLEQDL
 FWEDEELLSLFVKEKETRCCFESFGSDPFLCSARVDVVEWILKVNAHYDFSALTAILAINYLDR
 FLSSLQFQKDKPWMTQLAAVTCLSLAAKVEETQVPLLLDFQVEDAKYVFEAKTIQRMELLVLSS
 LKWRMNPVTPLSFLDHIIRRLGLKNNVHWEFLRRCESLLLSVMIDCRFVRYMPSVLATAIMLHV
 IHQIEPCNAIDYQNQLLGVLKISKENVNNCYELISEVSSKPITSHKRKYDENPSSPSGVIDPIY
 TSESSNDSWDLDLPSFKKSKVQEQQMKMSSSLSRVFVEAVGSPH

5 SEQ ID NO 30: mARN de *Lycopersicon esculentum* para secuencia de ADN de AJ002590 de ciclina tipo D

ACAAACCTTATTTTTCTTTTTCTTTTTTTTAAATTCAGTTTCTTGAATTAGTATGAAGTAAATGA
 AAACACAACATAAATCTTCTCTCAGAAGAAGATAATGTCTCACCATTATCAAGAACAAGAAC
 AACTAGAAGCACAAAAGATTCCATTTTATTAGATTCACTTTACTGTGAAGAAAATAATATACT
 CACTGAAGTATCAATAGAGACAGAGAGTTTTCCTCACATGATTTGTTATGGGAAGAAGAAGAA
 CTTACCTCTCTGTTTTCTAAAGAAAACAGAGTATGAAATAAGCTACAATGTGTTAGAAAAAAC
 AGTCTTTTTATTTTCATCAAGAAGAGAATCAGTTGAATGGATACTCAAAACAACAGCTTATTACTC
 TTTTTCTGCTCAAACCTGGATTTCTTGCAGTTAATTACTTTGATAGATTTCTGTTATTTAGTTTT
 AATCAGTCTCTGAATCATAAGCCATGGATGAATCAACTTGTTGCTGTTACTTGTCTTTTCATTAG
 CTGCTAAAGTTGAAGAACTGATGTTCTCTGCTTCTTGACCTTCAAGTTGAGGAATCAGGATT
 TTTGTTTGAATCTAAACAATACAGAGAATGGAGATGTTGATTCTGTCTACACTTAAATGGAAG
 ATGAATCCAGTAACCCCATTTTCATTTCTTGATTTTATAACTAGAAGACTTGGATTGAAGCACT
 GTCTATCTTTGGAATTTCTGAGGAGATGTGAGAAAGTGCTTCTTACACAATTACTGATGATAG
 ATTCATTGGTTACCTTCCTTCTGCAATGGCATCTGCCACAATGTTGCATGTTCTTGATAGGCTT
 AAGCCTTGCAATTGGAGAAAAGTACCAAGATCAACTTTTGGGCATTTCTTGAATTTGTCAAGGAGA
 AGGTGGAAGGATGTTACAGGCTAATACAAGAAGTGGCTTGCAACATTGACTTTGGTTCAAATAA
 GAGAAAAGTTGGGACATTACCAGGGAGTCCAACAGGGGTTATGGATATGTCATTTAGCTCAGAT
 TACTCCAATGACTCATGGTCAGTGGCTACATCAGTTACTTTCATCACCTGAGCCATTGTCCAAGA
 AGATTAGGGAGTCAAATGAATGACTAATTAATGTCTTTTAAATATTTCCCTATTAGTAGACTA
 GTTATTATTGTTATTATTAGATATGTATAATGTCCAATAACAGTGATCCACTTGTCTCTTAGTT
 TAAGTATTAGTAATTAATTAAGTTCTTGTTTATTCACATGTTAATTTTGCTTACATGTAAAAAT
 TCAAACCCCTTTTGACAATTATCACAGCTAGCTAGCTAATGGACCATTGTTTAAATGCTGTAC
 TGTCTATAGTGGGGCTATGAGATTTGTACTAGTTAAAGATGGTTTGGCACTTTATTCCAAGG
 AAATAAAAACCTTGCATGAAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 31: mARN de *Lycopersicon esculentum* para secuencia de proteína deducida de AJ002590 de ciclina tipo D

MSHHYQEQQLEAQKIPFLDLSLYCEENNILTEVSIETESFSSHDLLWEEELTSLFSKETEYE
ISYNVLEKNQSFISSRRESVEWILKT'TAYYSFSAQTGFLAVNYFDRFLLFSFNQSLNHPWMNQ
LVAVTCLSLAAKVEETDVPPLLDLQVEESGFLFESKTIQRMEMILSTLKWKNPVTTPFSFLDF
ITRRLGLKHCLSLEFLRRCEKVLlyTITDDRFIGYLPsAMASATMLHVLDRlKPCIGeKYQDQl
LGILGIVKEKVEGCYRLIQEVACNIDFGSNKRKFGTLPGSPtGVMDMSFSSDYSNDswSVATSV
TSSPEPLSKKIREsNE

SEQ ID NO 32: secuencia de ADN X88864.1 de ciclina de *Medicago sativa*

GAATTCGGCAGCAGACTCTTCTGCTACGACTACCTCTCCCTATACCTCTCTACTCTTTCTAGTTCT
ACTACTTTTCTTTCTTTCTCTGTTCTCTCTCTCTCTTTCATTTCTTTCACATTTTTCACACACACA
GAGAAGACAGAAACAAAGAGGAAAAGAGAGAGCGATGGATGTGAGACTCTTCAGTACTGTTTCCT
TCTTTTTTATAATGAACAAAGGACCACACACCCTCTTCTTCACTGAAGAAGATGGCTATCCATCA
TCATCATCACAAATCACCAACAACCTTCAACAACACACTTCTTCTCTTTTTTGATGCACTTTACTGT
GATGAAGAAGAAAAATGGGAAGATGATGATGAAGGAGAAGTTGTAGATGAAGGAGCACAAAGTG
ATGTCACAACAACAACTATGATATATTGGACTCTACTTCCCTTTTACCTCTGCTTTTGTTAGA
ACAGAACTTGTTCAATGAAGATGAAGAACTCAACACTCTTTTCTCCAAAGAGATAACTCAACAA
GAAACATATTACGAGGATCTGAAAAATGTGATCAACTTTGACTCACTCTCTCAACCACGTCGTG
AAGCTGTTGAATGGATGCTTAAAGTCAATGCTCATTATGGTTTCTCTGCTCTCACTGCAACACT
TGCTGTTAACTATCTTGATAGGTTTCTTTTAAAGCTTCCATTTCCAAAAAGAGAAACCATGGATG
ATTGAGCTTGTTGCTGTTACTTGCATCTCTTTAGCTGCTTAAAGTTGAAGAACTCAAGTTCCCTC
TTCTCTTAGACCTTCAAGTGCAAGATACTAAATATGTGTTTGAGGCAAGACTATTGAGAGAAAT
GGAGCTATTGATTCTGTCAACACTGAAATGGAAGATGCATCCAGTGACAACACACTCTTTTCTTA
GATCACATTATAAGAAGGCTTGGAATTGAAAACATAATCTTCATTGGGAGTTTCTTAGGCGCTGTG
AGAATCTTCTTCTATCTGTACTTTTAGATTCAAGATTTGTTGGTTGTGTTTCTTCTGTGTTGGC
CACTGCTACAATGTTGCATGTTATAGACCAGATTGAACAGAGTGATGATAATGGTGTGGATTAC
AAAAATCAGCTTCTTAATGTTCTCAAAATCAGCAAGGAGAAAGTTGATGAATGTTATAATGCGA
TTCTTCATCTTACAAATGCAAATAATTATGGTCATAAACGAAAATATGAAGAAATCCCTGGTAG
TCCAAGTGGCGTAATTGATGCTGTTTTTAGTTCTGATGGTTCTAACGATTTCGTGGACAGTGGGA
GCATCATCATATTCAACCTCAGAGCCTGTGTTTAAAGAAGACCAAGAATCAAGGACAAAAATATGA
ATTTGTCACCGATTAAACAGGGTCATTGTCGGAATTCTTGCCACTGCAACCTCTCCTTAAACCC
TCTATCCGTTTTCTGTCTTTTTTATTTAAAAAAAATAACCATATAAAAAATTACCCCCAAAAA
AAAGATCTATATTTATTTACTATGGTTATGTTTCATGTTGCTACTAAACTCTAGTTAGTTTAGTA
GTCTTTCTTTCTATCTCTTCATTTCCAACAATGTCCAAATTCATTTACATGAATCTCTTGAAG
AGGCAGTGGCAAGATGATGATGAGAGGATTAAGGAATGGTTAATTTCTGATGAGTTAAAAAGGA
AAGGACAAAGTTGGCAATGAAGATTTTTTATTACTATGAGCAGAAAAAGAACCCATGATATCTGT
TTCATTTCAAGGCAATGTTTTTTTTTATTTTATTCAATGGTCTCTTCTAGACCATAACCAATTTG
GACATATTTATATCATATTTCTATAATAAATTGGGAATAATTTTGGTCCAAAAAAAATAAAAA
AAAAA

5

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 33: secuencia de proteína deducida X88864.1 de ciclina de *Medicago sativa*

MAIHNNHHNHQQLQQHTSSSLFDALYCDEEEKWEDDDDEGEVVDDEGAQSDVTTTNYDILDSTSLLP
 LLLLEQNLFNEDEELNTLFSKEITQQETYYEDLKNVINFDLSLQPRREAVEWMLKVNAHYGFSA
 LTATLAVNYLDRFLLSFHFQKEKPWMIQLVAVTCISLAAKVEETQVPLLLDLQVQDTKYVFPEAK
 TIQRMELLILSTLKWKMHPVTTSHSFLDHIIRRLGLKTNLHWEFLRRCEENLLSVLLDSRFVGCV
 PSVLATATMLHVIDQIEQSDDNGVDYKNQLNLVKISKEKVDECYNAILHLTNANNYGHKRKYE
 EIPGSPSGVIDAVFSSDGSNDSTVVGASSYSTSEPVFKKTKNQGNMNLSPINRVIVGILATAT
 SP

SEQ ID NO 34: secuencia de ADN AJ011893.1 de ciclina D3.1 (CycD3.1) de *Nicotiana tabacum*

AAACGAGTCTCTGTGTACTCCTCCTCCTATAGCTTTTCTCTCTTCTTCTCTTCTCACACCTCCCAC
 AACACACAATCAGACAAAATAGAGAGGAAAATGAGTATGGTGAAAAAGCTTTGTTTGTATATAAT
 GAGAAAAAGAGATTTATATACATCTCTTCTTCTACTTTCCTTCTTACTAGAAGATGGCAATAGAA
 CACAATGAGCAACAAGAAGTATCTCAATCTTTTCTTTTAGATGCTCTTTACTGTGAAGAAGAAG
 AAGAAAAATGGGGAGATTTAGTAGATGATGAGACTATTATTACACCACTCTCTTTCAGAAAGTAAC
 AACAACAACAACAACAACAAGCCTAATCTTTATTACCTTTGCTTTTGTGGGAACAAGAT
 TTATTTTGGGAAGATGAAGAGCTTCTTTCACTTTTCTCTAAAGAAAAAGAAACCATTTGTTGGT
 TTAACAGTTTTCAGATGACTCTTTACTCTGTCTGCCCCGTGTTGATTCTGTGGAATGGATTTT
 AAAAGTGAATGGTTATTATGGTTTCTCTGCTTTGACTGCCGTTTGTAGCCATAAATTACTTTGAC
 AGGTTTCTGACTAGTCTTCATTATCAGAAAGATAAACCTTGATGATTCAACTTGCTGCTGTTA
 CTTGTCTTTCTTTAGCTGCTAAAGTTGAAGAACTCAAGTTCCTCTTCTTTTAGATTTCAGAT
 GGAGGATGCTAAATATGTGTTTGAAGCAAAAATCTTCAAGAAATGGAGCTTTTAGTGTGTCTCT
 TCACTAAATGGAGGATGAATCCAGTGACCCCACTTTCAATTTCTTGATCATATTATAAGGAGGC
 TTGGGCTAAGAAATAATATTCAGTGGGAATTTCTTAGAAGATGTGAAAATCTCCTCCTCTCTAT
 TATGGCTGATTGTAGATTTCGTACGTTATATGCCGCTGTATTGGCCACTGCAATTATGCTTCAC
 GTTATTTCATCAAGTTGAGCCTTGTAATTCTGTTGACTACCAAAATCAACTTCTTGGGGTTCTCA
 AAATTAACAAGGAGAAAGTGAATAATTGCTTTGAACTCATATCAGAAGTGTGTTCTAAGCCCAT
 TTCACACAAACGCAAAATATGAGAATCCTAGTCATAGCCCAAGTGGTGTAATTGATCCAATTTAC
 AGTTCAGAAAGTTCAAATGATTCATGGGATTTGGAGTCAACATCTTCATATTTTCTGTTTTCA
 AGAAAAGCAGAGTACAAGAACAGCAAATGAAATTGGCATCTTCAATTAGCAGAGTTTTTGTGGA
 AGCTGTTGGTAGTCTTCATTAAATCAATCACCTGATTTATCTCTTTTCTTTCTTATTACCAAC
 TATGGTGGTAATAATATTTATTGATATTCAGAAGTATTTACCTTTAATGTCAATTTCAAAAATT
 ACATGAAAATGGAAAAAAGAAAAGAAGAGCTTAGCTGGTGGTTGCAGTTGGCAGAGAAGAGGA
 CTGGCTTTTTTTTGCAGGAGTGTAGTCTACTACTGGAAGCAGAGATAGAGAGAGGAGAAA
 AGACAGAAAATCTGCACATTTTGTTTTTTCTCTATTTCATATCAATTCTCTCTTAGGTCTTTTC
 ATGCATGCATACCTTTTGATGGACATATTTTATATATTTACTATAATCATAAATCTTGAATAAA
 AAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 35: secuencia de proteína deducida de AJ011893.1 de ciclina D3.1 (CycD3.1) de *Nicotiana tabacum*

MAIEHNEQQELSQSFLLDALYCEEEEEKMGDLVDDETIIITPLSSEVTTTTTTTTTKPNSLLPLLL
LEQDLFWEEDELLSLFSKEKETHCWFNSFQDDSLLC SARVDSVEWILKVNGYYGFSALTAVLAI
NYFDRFLTSLHYQKDKPWMIQLAAVTCLSLAAKVEETQVPLLLDFQVEDAKYVFEAKTIQRMEL
LVLSSLKWRMNPVTPLSFLDHIIRRLGLRNNIHWEFLRRRCENLLS IMADCRFVRYMPSVLATA
IMLHVHMQVEPCNSVDYQNLGVLKINKEKVNCFELISEVCSKPI SHKRKYENPSHSPSGVI
DPIYSSESSNDSWDLESTSSYFPVFKSRVQEQQMKLASSISRVFVEAVGSPH

SEQ ID NO 36: secuencia de ADN AJ011894.1 de ciclina D3.2 (CycD3.2) de *Nicotiana tabacum*

CACCTTTACTCTCTTCTCCTTTTTGGCTCTTCCCATTCTCTCCTTCTCTTTCTTTATTTCTGT
CCTGTAGAGAGAGAGAGAAAGTATAAGCAAAGCAGCAGATATGTTACTGGGTCCAAGATTGAGT
TTTGGCTTACCTTGAAGATAATGAGTAGAGCCTCCATTGTCTTCTCCGTCAAGAAGAAGA
AGAAGATGGTTTTCCCTTTAGATACTCAGCTCCTAAATCCAATCTTTGATGTCCTTTACTGTGA
GGAAGATCGATTCTTGGACGATGATGATTTAGGAGAATGGTCTAGTACTTTAGAACAAGTAGGA
AATAATGTGAAAAAGACTCTACCTTTATTAGAATGTGACATGTTTGGGAAGATGACCAGCTTG
TCACTCTTTTAACTAAGGAAAAAGAGTCTCATTTGGGTTTTGATTGTTTAACTCAGATGGAGA
TGGGTTTTTAGTGGAGGTTAGAAAAAGAGGCATTGGATTGGATGTTGAGAGTCATTGCTCACTAT
GGTTTCACTGCTATGACTGCTGTTTTAGCTGTGAATTATTTGATAGGTTTGTATCTGGACTCT
GCTTTCAGAAAGATAAGCCTTGGATGAGTCAACTTGCTGCTGTGGCTTGTCTTTCTATTGCTGC
TAAAGTGGAAGAGACCCAAGTCCCCCTTCTCTTAGACCTCCAAGTGGCTGATTCAAGATTTGTG
TTTGAGGCAAAGACTATTAGAGAAATGGAACCTCTGGTGCTCTCCACTCTTAAGTGGAATGA
ATCCAGTGACACCCTATCTTTCATGATCATATCATGAGGAGATTGGATTTCATGACCAATCT
ACATTTGGATTTTCTTAGGAGATGTGAACGCCTCATTCTTGGTATTATCACTGATTCTAGGCTC
TTGCATTATCTCCATCTGTTATTGCAACTGCAGTAGTGTATTTCGTGATCAATGAGATTGAGC
CTTGCAATGCAATGGAATACCAGAATCAGCTCATGACTGTTCTTAAAGTCAAACAGGATAGTTT
TGAAGAATGCCATGATCTTATTCTAGAGCTAATGGGCACCTCTGGCTACAATATCTGCCAAAGC
CTCAAGCGCAAACATCAATCTGTACCTGGCAGTCCAAGTGGAGTTATCGATGCATATTTAGTT
GCGACAGCTCTAATGATTTCGTGGTCGGTAGCATCTTCAATTTTCATCGTCACCAGAACCTCAGTA
TAAGAGGATCAAACTCAGGATCAGACAATGACACTGGCTCCACTGAGTTCTGTTTCTGTCTGTT
GTGGGCAGTAGTCTCGTTGATCAGTATCTCATTCTCTAGATTATCTAGTATTACGGCTATGGT
TACTATATGATCTCTCTTTTTTGGTATGTTCTCTTAACTGCAGTTGCACAATGCTCTGATGTT
CCATTAAAAA

5 SEQ ID NO 37: secuencia de proteína deducida AJ011894.1 de ciclina D3.2 (CycD3.2) de *Nicotiana tabacum*

MVFPLDTQLLNPIFDVLYCEEDRFLDDDDLGEWSSTLEQVGNNVKKTLPLLECDMFWEDDQLVT
LLTKEKESHLGFDCLISDGDGFLVEVRKEALDWMLRVIAHYGFTAMTAVLAVNYFDRFVSGLCF
QKDKPWMSQLAAVACLISIAKVEETQVPLLLDLQVADSRFVFEAKTIQRMELLVLSTLKWKNP
VTPLSFIDHIMRRFGFMTNLHDLFLRCERLILGIITDSRLLHYPPSVIATAVVYFVINEIEPC
NAMEYQNQLMTVLKVKQDSFECHDLILELMGTSGYNICQSLKRKHQSVPGSPSGVIDAYFSCD
SSNDSWSVASSISSPEPQYKRIKTQDQTMTLAPLSSSVSVVVGSSPR

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 38: secuencia de ADN ABO15222 NtcycD3-3 de *Nicotiana tabacum*

GCACGAGCTTCCTTCACACAACCAGATAGAGACAAGAACAGAGAGATTTCATGGAAATGCCCAAG
AAGAATCACTCTTTTGGTTTCTTGTTTTATATAATGAGAAAGCAACACATTTTCTTCTTTTCTC
AAAGAAGATGGGAATACAACACAATGAGCATAATCAAGACCAAAACCAATCTTTCCTTTTAGAT
GCTCTTTACTGTGAAGAAGAAAGATGGGAAGAAACAATGAAGATGAGATTTTAGAAAAAGAAG
CAACACTACCCTTCCTCTGCCTTTACTAGAACAAGACTTGTTTTGGGAAGATGAAGAGCTACT
CTCTCTTTTCACAAAAGAAAAAGAAACAATTTCCAACCTTGAAACTATTAAAACAGACCCTTTA
CTTTGTTTATCTCGTAAAGAAGCTGTGAAATGGATTCTTAAAGTAAATGCTCATTATGGATTCT
CAACATTCACCTGCTATTCTTGCTATTAAATTACTTTGATAGGTTTCTTTCAAGTCTTCATTTTCA
GAAAGATAAGCCTTGATGATTCAACTGTAGCTGTTACTTGCTCTTCTTTGGCTGCTAAAGTT
GAAGAACTCAAGTTCCTCTCTTTTGGACTTCCAAGTGGAGGATGCAAAATATGTGTTTGAGG
CCAAAACCTATTCAAGAATGGAGCTTTTGGTATTGTCTCTTTTAAAGTGGAGGATGAATCCTGT
AACCCCACTTTTCATTTGTTGATCATATAATAAGAAGACTTGGGCTAAAGAGCCATATACACTGG
GAATTTCTCAAGCAGTGTGAGAGAATCTTCTTTTGGTCATAGCTGATTGTAGATTCTTAAGTT
ATATGCCTTCTGTATTGGCTACTGCTACTATGCTTCACGTTATTTCATCAAGTTGAGCCTTGTA
TGCTGCTGACTACCAAAATCAACTTCTTGAGGTTCTCAACATTAGCAAGGAGAAGGTGAATGAT
TGCTATGAACCTTATAACAGAGGTGTCTTACAACCTTATTTCACACAAGCGCAAGTATGAGAGTC
CAATAAATAGCCCAAGTGTCTGTTATTGATACATTTTACAGCTCTGAAAACCTCAAATGAATCATG
GGATTGCAAACTTCTTCTCTATTCCATCCACTTATTACCTCGTGATCAATTTTGCCTTTG
TTTAAGAAAAGCAGAGTTCAAGAACAGCAAAATGAGATTGACATCTTTAAGCAGAGTTTGTG
ATTATGCTGTTGGCAGCCCTCGCTAATATTATTGACAATGACAATGTATTACTCCTTATTATGT
CCTTTTTCGCAAACTTCTACTTTGGAAAGATGGAAAATGAAAAGAGGGGATAGTTGGTGGTAGTGG
CTGCAGAGGGTTGGTGTGTTGTCAGCACAAATGGGGGGGTTAAGAGAAAGAAGGATAGGTAATATT
CAATGTTCTACTGGGAGTAATCGTTAATTCAAGGAACATTTAGTTAATTTGGTTTAAAGATCTC
TTTGGTTGGTCCCCC

SEQ ID NO 39: secuencia de proteína deducida ABO15222 NtcycD3-3 de *Nicotiana tabacum*

MGIQHNEHNQDQTQSFLLDALYCEEERWEETIEDEILEKEATLPLPLPLEQDLFWEDEELLSL
FTKEKETISNFETIKTDPLLCLSRKEAVKWILKVNAYHGFSTFTAILAINYFDRFLSSLHFQKD
KPWMIQLVAVTCLSLAAKVEETQVPLLLDFQVEDAKYVFEAKTIQRMELLVLSSLKWRMNPVTP
LSFVDHIIRRLGLKSHIHWEFLKQCERILLVIADCRFLSYMPVSLATATMLHVIHQVEPCNAA
DYQNQLLEVLNISKEKVNDCEYLITEVSYSISHKRKYESPINSPSAVIDTFYSSSENSNESWDL
QTSSSIPSTYSPRDQFLPLFKKSRVQEQQMRL/TSLSRVFVDYAVGSPR

5 SEQ ID NO 40: *Oryza sativa* (grupo japonica cultivar) cycD3 como secuencia de ADN AK103499

GTCTCTCTCCCTCCACCTCCGCTCCTACTCTGCTGCTCCACCACGACCAAAAGCCATGCCTATG
CTGCTGCTGCCGCTCTCCTCCTCTTCCGCCATTGCCGCCACCTGAGCTGAGCTCTTGTACTCGC
TACGCTACTCAAGATGGCTTTCGCCACGCTCTTTGACTCCCTCTACTGCCCCGAGGAGCACCTC
GACCTCTTCCATGACACCGCCGCCGACGACGACCTCCACCTCGACCTTCACCTGCACCAACCCC
CACC GCCGCCGCGCTCCTCGACGACGACCTGCCTGCGCTGTTCCACGCGCTCAGGGGGAAGGA
GGACCCGCTGCGCCCCGCCGCCGACGACGACGCTACGGCGGGGTGCTGCCCCGGGAGGCGGCG
GTCGGGTGGGCGCTGCGCGCCGTCGCGAGGCTCGGCTTCTCCGCGCTCACGGCCGCGCTCGCCG

FIGURA 5 (continuación)

TCGCCTACCTCGACCGCTGCTTCCTCGGCGGCGCGCTCCGCCTCGGCGACCGCCCCCTGGATGGC
 GCGCCTCGCCGCCGCTCGCCTGCGTTCGCGCTCGCCGCCAAGGTGGAGGAGACGCGCGTGGCCGTG
 CTCTCGACCTCCAGCTCTGCGCCGCCGAACGCGCCGACCCCAACGAGGCCTACGTGTTTCGAGG
 ACAAGACGGTGCGCCGCATGGAGCTGCTGGTGTCTTCGCGCTCGGATGGCGGATGCACCCGT
 GACGCCCCCTCTCTACCTCCAACCCCTCTCGGCACCGCCACGCCGCGCGCTTCACCACTGC
 GACACCGCATGCTCGCGCTGATGCCCCGATGGAGGTGGCCTCGCCACCGCCCCCTCGGCGTGGG
 CCGCCGCGGCGTGTGCTCGCGACGGCCGGATGGTGCGGCGGCGGCGGCGGCGACGACGCCGAGCT
 CCTAGCCCTCATCGATGCCCCCAAGGATGAGATGGCAGAGTGCGCCAAGATCATCTCCGAGGAG
 GCGG
 GGCTGTACTCGGCGCCGCGGAGCCCCGAGCGCGTGTATCGGCGCGTTCGGCCTGCTTCAGCTGCGA
 CAGCTCGTCCAGCAGCGTGCAGTCTGCTGTTTCGCCGCTTGGAGCCACCGGCCGCGCGATCAAG
 CGAGGTGCCGCCGCCGCCACCACCGCGGATCCGCTTCCCGCCGACGAGGAGAGCCGCGACGCGCT
 GGCCGCCGTACGCCGCATGAGGCTGCTCTGGTTCGGTATCGGGAAGGGGAGAAGCTAAAGCAAGC
 CACTAATTAAGCTTAGGAGGAGGAGGGTTCAGTCCAAGAAAAAGATGTTCCATTAACGCAATGC
 AAGAATGCAGGTGCGAAGGGGTAGGTTCATTATGTAGCCATTGATGGTCTCTTGGAGCTCAGC
 TCAGCCTCAACCTCAACCCACCATAGCCATGGATGGAGGTGAGGAAGAAGCTGTTTTGTCTGT
 CTGCTCACTCTGCTGGTACCACCACTGTTAGAACCATGCTTCACACTCTCTCTCTTGTCTCTCT
 CTCTAGAGAGAAGAGAGAGAGTATAAAGGAGTAGGAGTATGAGGAGTGGCAACAATGGCAATGG
 CATCAAATGCTGCAATTGCCCACTTCCCATGAGCAGCTAGAGCTACAACAGCAGACCTGAGGCT
 ATTGTGCTCACCTCTTCTTCTCCACCATTAATGAAAATGCATTACTACC

SEQ ID NO 41: *Oryza sativa* (grupo japonica cultivar) cycD3 como secuencia de proteína deducida AK103499

MAFATLFDSLYCPEEHLDFHDTAADDLHLHLHQPFPPLDDDLPALFHALRGKEDPLR
 PAADDGYYGVSAEAAVWALRAVARLGFSALTAALAVAYLDRCFLGGALRLGDRPWMARLAA
 VACVALAAKVEETRPVLLDLQLCAERADPNEAYVFEDKTVRRMELLVLSALGWRMHPVTPLS
 YLQPLLGTAAARLHHCDTALLALMPDWRWRPWRHPSAWAAAAALLATAGWCGGGGGDDAELLALI
 DAPKDEMAECAKIIIEEAAAAAGGIVIGGENKRGGAAGLYSAPASPSGVIGASACFSCDSSSS
 SVDSLFAALEPPGRPIKRGAAAATTADPLPADEESRDAWPPYAA

SEQ ID NO 42: secuencia de ADN AB008188.1 de ciclina D de *Pisum sativum*

GTGGCGGCCGCTCTAGAACTAGTGGATCAGAACACAAAAACAAAGAGAAAAAAAAGATGAATA
 TGAAACTCTTGATTACTCTCCCTTCTTTCTATAATGAACAAAGGACCACACAACCTCTTCTTC
 ATTGAAGAAGATGGCAATCCATCATCACCACCACCATCATCAACAACCTACACCACAACCTCTCTT
 CTGATGCTCTTTACTGCGATGAAGAAAACTCGAAGAAGAACAAGAAGACGTTTCATCTCAAC
 AAAGTGATGTCAACAACAACATGACAACAACATCTAGACTCCACTTCCCTGTTCCCTCTTCT
 TCTCCTGGAACAAAACCTCTTCTCTCAAGATGAAGAACTCACCACACTTTTCTCCAAAGAAAA
 ACCCAACAAGAAACGTACTACGAGGATCTGAAAAATGTCGTGGATTTTGTCTCTCTCTCAAC
 CTCGTGCTGAAGCTGTTCAATGGATGCTTAAAGTCAATGCTCATACGCCCTTTCACCTCTCAC
 TGCAACACTCGCTGTTACTTACTTTGATAGGTTCTTCTAACCTTCCATTTCCAAAAAGATAAG
 CCATGGATGATTACGCTTGTGCTGTTACTTGCATCTCTTTAGCTGCTAAAGTTGAAGAACTC
 AAGTTCCTCTCTCTTAGACCTACAAGTGCAAGATACTAAATATGTGTTTGAAGCAAAAACTAT
 TCAGAGAATGGAGCTTTTGATTCTGTCAACACTGAAATGGAAGATGCATCCTGTGACACCACAC
 TCTTTTCTAGATCATATAATAACAAGGCTTGGTTTGAAGAACTAATCTTCATTGGGAGTTTAA
 GACGCTGTGAGAATCTTCTCTATCTGTACTTTTAGATTCAAGATTTGTTGGTTGTGTTCCCTC

5

FIGURA 5 (continuación)

TGTGTTGGCTACTGCTACAATGCTGCATGTGATAGACCAGATTGAAGAGAGTGATGATAATGGT
 GTGGACTACAAAAATCAGCTTCTTAGTATTCTCAAAATCAACAAGGAGAAAAGTGGATGAATGTT
 ATAATGCTATTGTTGAGGTTACTAATGAAAATAATTATGGTCATAAACGAAAATATGAACAAAT
 CCCTGGAAGTCCAAGTGGCGTAATTGATGCTGTTTTTAGTTCTGATGGTTCCAATGATTCATGG
 AAAGTGGGTTTCATCCTCGTATTC AACCTCAGAGCCTGTTTTTAAGAAAAACAAAACCTCAAGGGC
 AAAATAGGAATTTGTCACTCTTAATAGGGTCATTGTTGGAATCTTGCCACTGCTAGTGCTAC
 TACCTCTCCTTAATATCCTCTCTCTGTCTTTATAAAAAAACAAATAATAACCATATGCAAAA
 AATCTATATTTATTTAGTATATATGGTTATGTTGATGTTTCTAAGATCTCTTCATTTCCAACAA
 TGTCCCTAATGAATCTCTTGAAGAGGCAGAGACAGAGAAAGAGGCAAGATGAAAGAGGAGTGAA
 AGAGGAGAGGACAAAGTTGGCAATGAAGATTATGTTTTTTTTTTTAAATTGAAGGCACTTTTTTA
 TTTACTATTGAATGGTTGTTCTCTCTAGACCATAACCAAATTTGAACATATTTATATGATATTT
 CTATAATAAATTGGGATAATTTTTTGTTT

SEQ ID NO 43: secuencia de proteína deducida AB008188.1 de ciclina D de *Pisum sativum*

MAIH HHHHHHQQ LHHNSLLDALYCDEE KLEEEQEDVSSQQSDVTNNNDNNILDSTSLFPLLLLE
 QNLFSDDEELTTLFSKEKTQQEYFYEDLKNVDFVSLSQPRREAVQWMLKVNAHYAFSPLTATL
 AVTYFDRFLLTFHFQKDKPWWMIQLVAVTCISLAAKVEETQVPLLLDLQVQDTKYVFEAKTIQRM
 ELLILSTLKWKMHPVTPHSFLDHIITRLGLKTNLHWEFLRRRCENLLSVLLDSRFVGCVPVSLA
 TATMLHVIDQIEESDDNGVDYKNQLLSILKINKEKVDECYNATIVEVTNENNYGHRKRYEQIPGS
 PSGVIDAVFSSDGSNDWSKVGSSSYSTSEPVFKKTKTQGNRNLSPNLRVIVGILATASATTS

SEQ ID NO 44: secuencia de ADN AY230139.1 de ciclina D de *Populus alba*

GAGAAAGATATGCAATATATGCAAAGAGAAGCCTGAGAGATTTTTATCTCCCTTTTTCATTTT
 GATGGTGTCTATAATGAGAAGAGGATTAAATCTCTTCTCTGGAAGAAGATGTCTTTCTTAC
 AACAACAAGAGACTCATAATCAAAGCCCAGCATTGGCTCTTGACGGGCTTTACTGTGAAGAGGA
 TGGATTTGGAGAGGATTATCTTGTGGTTTGGATGATGAACTAGCCAGGTTTATGATCAAAAT
 GTGAAAAAGGAGCAAAATTTATCTTCTGTTTGTCTTGAGCAAGACTTGTTTGGGAAGATAGCG
 AGTTACTGTCTTTAATCTCCAAAGAGAAAGAGACCCATGTTGTTTTTGATAGTGATAGGATCTAG
 AGATGGATCTTTAATGGTGGTTTCGTAGAGAGGCAGTTGAGTGGTTTTTGAGGGTAAAGGCACAT
 TATGGGTTTCAGTGCTTTGACTGGTGTCTTGCTGTGAACACTACTTTGATAGGTTTCATTTCAAGTT
 CAAGGTTTTCGAAGAGATAAGCCATGGATGGGTCAACTTGCTGCTGTGGCTTGTTTGTCTCTGGC
 TGCTAAAGTGGAGGAAACCCAAGTGCCTCTTCTTTTGTAGACTTGCAAGTGGAGGATGCAAAGTAC
 GTTTTTGAAGCCAAGACCATAAAGAGAATGGAGCTGTGGGTGCTGTCAACTCTTCATTGGAGGA
 TGAATCCTGTAACTCAATTTCTTTCTTTGATCACATTATAAGGAGACTTGGATTAAAGACCCA
 CATGCATTGGGAGTTTTTATGGAGGTGTGAGCGATTGCTTCTTTCTGTCAATTTCTGATTCAAGG
 TTCATGAGTTATCTTCTTCTATATTAGCAACTGCGACAATGTTGCATGTTATCAAGGAGGTTG
 AGCCACGTAATCAACTGCAATACCAAACCTCAGCTCATGGCTGTGCTAAAAACCAATGAGGATGA
 AGTGAATGAGTGTTACAGGCTCATTTTATAGCAACCAGGCAGCCAAAACCAACGCCACAAGCGC
 AAGTACCTGTCCACACCCAGCAGCCCAAATGGTGTCTATCGATGCATCTTTCAGCTCTGAGAACT
 CAAATGATTCTGTGGGCTGTGGCATCATCAATCTCATCATCATCATAGTGCCTCAATTCAAAAG
 AAGCAGGGCCCAGGTTTCAGCAGATGCGATTGCCTTCACTAAATCGTATGTGCGTGGATGTGCTT
 AGCAGTCCTCATTAGTCTTTCTTGTCTTAATGCCCTCGAGCTATCATAATCTTCTGTTTTGCG
 TATTAATTGTTGTATGTGTAAGAGGTACAGACGTTTTATGAACTGACCCATTCTTGGATGAGA
 AATGAGGTATCTGCTCTGCTCTCTCTTTGTTTCGAGAGAGGAATGAAGAGATTGTGGTGTTTTTT
 CAATAGGTATGAACATGATGTCTGTATTTCAACCATTGCTCTATTAAATGTTACATGATTCACT
 AGGAAAAAAAAAAAAAAAAA

5

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 45: secuencia de proteína deducida AY230139.1 de ciclina D de *Populus alba*

MSFLQQQETHNQSPALALDGLYCEEDGFEDYSCGLDDETSQVYDQNVKKEQNLSSVLEQDLF
WEDSELLSLISKEKETHVVFDSVGSRDGSLMVVRREAVEWFLRVKAHYGFSALTGVLA VNYFDR
FISSSRFRD KPW MQLA AVACL SLAAKVEETQVPLLLDLQVEDAKYVFEAKTIKRMELWVLST
LHWRMNPVTSISFFDHIIRRLGLKTHMHWEFLWR CERLLLSVISDSRFMSYLP SILATATMLHV
IKEVEPRNQLO YQTQLMAVLKTNEDEVNECYRLILEQPGSQNRH KRKYLSTPSSP NGVIDASF
SSENSND SWAVASSISSSSSV PQFKRSRAQVQQMRLPSLNRMCVDVLSSPH

SEQ ID NO 46: secuencia de ADN AF181993.1 de ciclina D de *Populus tremula* x *Populus tremuloides*

CTGGAAGAAGATGGCATCAATGTATAACCCAGAAACGAGTGCGGTACAAGACCAACAACAAAAC
CCTACATTACTTTATGATGCTCTCTATTGTTCTGAAGAGAATTGGGTGGAAGAAGTTAGAGAGG
ACTGGTTTCAAGATGAACTAGAAAGGAGAGAGCTATTGTAGCAACAATAGCAATAAACTAAACAC
TTTTCCAATATTGCTAGAACAGGACTTAAGCTGGGAAGACGAGGAGCTTTCTCTTTTGTGTTGCC
AAGGAGGAGCAAAATCAGCTGTGCAAAGACTTAGAAAACCAACCCGCTTTTGGCTAGGGCTCGCT
GTGAGGCTGTAGAGTGGATTCTAAAGGTCAATGAACACTACTCTTTACCGCTCTAACTGCAGT
TTTGGCAGTGAACATCTTGATAGGTTTTTATTAGTGTCCACCTTCAGAAAGAGAAGCCATGG
ATGGCCCAACTTGCAGCTGTGCTTGCCTCTCACTTGCTGCCAAAGTGGAGGAGACGCAAGTGC
CCCTTCTATTGGATTTTCAGGTGGAGGACAGTAAATACGTGTTTCGAGGCCAAAACATATCCAGAG
AATGGAGATCCTGGTGCTTCTACTCTTAAATGGAAGATGAATCCAGTAACCCCAATATCGTTT
CTTGATTACATCACTAGAAGGCTTGGCCTAGAACACTATCTTTGTTTGAATTTCTCAAGAGGT
GTGAGCGCATGGTCTCTCTATCTTGGCAGATTCTAGGTCTATGCCTTATGTTCTCTGTAAAT
GGCCGCTGCCACGATGCTCTATGTTATTGATAACATAGAACCAGTCTTGCAGCAGAATACCAA
AGCCAGCTGTTGAGCATCTTGGAAATCGATAAAGACAAGGTAGAGGATTGCAGCAAGTCTTTAA
TGGAATTTGCTCTAAGAGACCATTTTAAAGCTTCTCTCAAACAAACGCAAGTTTGTTCACCTTCC
AGGCAGTCTTAGCGGTGTGGTTGATGTGTCTTTTAGCTCAGACAGCTCAAATGATTTCATGGTCT
GTGGCATCATCCGTGTCTTCATCACCAAAGCCTCTGTCCAAGAAGAGTAGGGCACTGCAGAGTC
TAAACAACGCAACAACCTTCAGATTTTTCTCAGCATTCCTCGCCAGTGCCTTAAATTTACTGTTT
TTCCCTAATGGACCACCTCTTGACGGTTAATAAGTCTTGTGCTTTTTCAATGTTCAAGTTAAA
TTGCCTGCCATCTCTGCTTTTCCAGCTCAGACCAATGCTTAGAACGCTGAAATATTGATTGGGT
ACTGGGAATTGGAAGCAGAGATGGTTGGCATTTTACCGGAAATGAAGAACAGAACAGAACAAAA
AAAAAGAAAAAAGAGCCGATGAGGAAGAGTTCTGGTAGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

- 5 SEQ ID NO 47: secuencia de proteína deducida de AF181993.1 de ciclina D de *Populus tremula* x *Populus tremuloides*

MASMPNPETSAVQDQQNP TLLYDALYCSEENWVEEVREDWFQDELEGESYCSNNSNKLNTFPI
LLEQDLWEDEELSSLFAKEEQNLCKDLETNP SLARARCEAVEWILKVNEHYSFTALTAVLAV
NYLDRFLFSVHLQKEKPWMAQLAAVSCLSLAAKVEETQVPLLLDFQVEDSKYVFEAKTIQRM EI
LVLSTLKWKMNPVTPISFLDYITRRLGLEHYLCLEFLKRCERMVLSILADSR SMPYVPSVMAAA
TMLYVIDNIEPSLAAEYQS QLLSILGIDKDKVEDCSKFLMEFALRDHFKLLSNKRKFCSLPGSP
SGVVDVSFSSDSSNDSWSVASSVSSSPKPLSKKSRALQSLNNATTSDFSQHSSPVP

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 48: secuencia de ácido nucleico de Arath_cycD3;3 modificada de Arabidopsis thaliana

ATGGCTTTAGAAAGAGAGGAAGAGAGTCAAAACGCACCGTTTTGTGTTCTTGATGGTCTTTTCT
GTGAGGAAGAGAGTGAGTTTCACGAACAAGTAGATTTGTGCGACGAGAGTGTTGAAAAGTTTCC
TTTTTTAAATCTGGGTTTGTCTGATCATGATATGTTGTGGGATGATGATGAGTTATCAACTTTG
ATTTTCGAAACAAGAACCGTGTCTTTATGACGAAATCTTAGATGATGAGTTTCTGGTTTTGTGTC
GTGAAAAGGCTCTTGATTGGATTTTTAAAGTGAAATCTCATTATGGGTTTAATTCATTGACGGC
TCTTTTAGCTGTTAATTACTTCGATAGGTTTATTACAAGCAGGAAGTTTCAGACAGATAAGCCA
TGGATGTCTCAGCTTACTGCTTTGGCTTGTCTGTCTTTAGCTGCTAAGGTTGAAGAGATCCGTG
TTCTTTTTCTCTTAGATTTTCAAGTGGAAGAAGCAAGATATGTCCTTTGAAGCTAAGACTATACA
GAGAATGGAGCTTCTGTCTGTCTACTCTTGACTGGAGGATGCATCCTGTGACTCCAATCTCG
TTTTTCGATCACATTATTCGACGATACAGCTTTAAATCTCATCATCAATTGGAGTTCTTGAGTA
GATGTGAATCTTTATTACTCTCCATTATTCCTGATTCGAGATTTCTGAGTTTTAGTCTTCTGT
GTTAGCCACTGCAATAATGGTCTCTGTTATTAGAGATTTGAAGATGTGTGACGAAGCTGTATAC
CAATCTCAGCTCATGACTCTACTCAAAGTTGATTCGGAGAAGGTAATAAATGCTATGAGTTAG
TGTTAGACCACAGTCCAAGCAAGAAAAGGATGATGAATTGGATGCAACAACCCGCTAGTCCGAT
CGGTGTGTTTGATGCGTCATTCACTCTGATAGCTCGAATGAGTCGTGGGTTGTGCTGCTTCT
GCTTCAGTGTGCTCTTACCATCTTCAGAGCCTTTGCTCAAGAGGAGAAGAGTGCAAGAGCAGC
AGATGAGGCTATCTTCAATAAACCGAATGTTTTTCGATGTGCTTATAGTAGTCTCGCTAAACC
CAGCTTTCTTGTACAAAGTGGTGATATCACAAGCCCGGGCGGTCTTCTAGGGATAACAGGGTAA

SEQ ID NO 49: secuencia de polipéptido de Arath_cycD3;3 modificada de Arabidopsis thaliana

MALEEEESQNAPFCVLDGLFCEEESEFHEQVDLCDESVEKFPFLNLGLSDHMDLWDDDELSTL
ISKQEPCLYDEILDDEFVLVLCREKALDWIFKVKSHYGFNSLTALLAVNYFDRFITSRKFQTDKP
WMSQLTALACLSLAAKVEEIRVPFLLDQVEEARYVFEAKTIQRMELLVLSTLDWRMHPVTPIS
FFDHIIRRYSFKSHHQLEFLSRCESELLLSIIPDSRFLSPSPSVLATAIMVSVIDRLKMCDEAVY
QSQLMTLLKVDSEKVNKCYELVLDHSPSKKRMNWMQQPASPIGVFDASFSSDSSNESWVSAS
ASVSSSPSSEPLLKRRRVQEQQMRLSSINRMFFDVLIVVLAKPSFLVQSGDITSPGGLLGITG

- 5 SEQ ID NO 50: secuencia de ácido nucleico Aquo_cycD3 de Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens compilada de DT755971.1 y DT749271

ATGGCTCTTCACCACCAATATCAACAAGAACAACAACAAGAATCAACAGATCCCCATTTCTTTG
TAGACTCACTTTTTCTGCGAAGAAGAGAAATGGGTAGAAGAAGAAGAGGACTTAAATGAGAGTAG
TATAAGTATCATCAATAATAATGGAACAACAACAACAACAACAACAACATCATCAGTAGTT
GAACTTGTTCCACTTTTGTGTGTTAGAACAAAGACTTGTTTGGGAAGATGAAGAGCTTATCTCTT
TGTTTAGAAAAGAACAAGATACCCATCTTGTTATATCTTCTCAACTTGATTCTGATCCATCTAT
TGCTATTGCTCGTCGTGGGGTTATTGATTGGATGTTAAGGGTCAATGCTCATTATGCTTTCTCT
GCTCTCACTGCAGTTCTATCTGTTAATTATCTTGATAGATTCCCTTTCAAGTTTTAAGTTTCAGA
AAGATAAACCATGGATGATTCAACTTGCTGCTGTTGCTTGTATTATCTATAGCTGCTAAAGTGGA
AGAAACCCAAGTTCTCTTCTATTAGACTTTCAAGTTGAAGAGACTATGTATGTGTTGAAGCA
AAACTATTTCAGAGAATGGAGCTTTTGGTGCTTCTACTCTTCATTGGAAGATGAATCCAGTAA

FIGURA 5 (continuación)

CCCCCTCTTTCTTTCTTGATCACATTATAAGAAGGCTTGGATTGAAAAACCATCTACATTGGGA
 ATTTTTTAGAAGGTGTGAAGGCTCTCTTTTGTCTATAATTGCAGATTCAAGGTTTGTCTGTTTT
 CTTCCATCTGTGTTGGCTACTTCAACAATGCTGCATGTTATAGACCAAGTTGAGCCTTGTAATG
 CAATTGAATATCAAAACCAGCTAATGGGCATTCTTAAAAATCAGCAAGGATAAAGTGGATGAATG
 TTATAAACTCATACTGGAATCAACATTGAGCTTCAATAGGCATGGTTACGGCAACAAACGCAAG
 TTTCAATCTATCCCAAGTAGCCCAAATGGTGTAAATTGATGCATCATTAGTTGCGAGAATTCAA
 ATGATTCATGGGCATTGGCTTCATCTGTTACATCATCCCCAGAACCATTTTTTCAAGAAGAGCAG
 AGCTCAAGACCAACAGATGAGATTACCATCCTTCAGTAGAGTGTTTGTGGATGTTCTAAGCAGT
 CCTCCTTAA

SEQ ID NO 51: secuencia de polipéptido deducido Aqufo_cycD3 de *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

MALHHQYQQEQQESTDPHFLVDSLFCSEEEKWVEEEDLNESSISIINNNGTTTTTTTTTSSVV
 ELVPLLLLEQDLFWEEDEELISLFRKEQDTHLVISSQLDSDPSIAIARRGVIDWMLRVNAHYAFS
 ALTAVLSVNYLDRFLSSFKFQKDKPQMIQLAAVACLSTAAKVEETQVPLLLDFQVEETMYVFEA
 KTIQRMELLVSLTHWKMPVTPLSFLDHIIRRLGLKNHLHWEFFRCEGLLLSIADSRFACF
 LPSVLATSTMLHVIDQVEPCNAIEYQNQLMGILKISKDKVDECYKLILESTLSFNHRHGYGNKRK
 FQSIPTSPNGVIDASFSCENSNDWALASSVTSSPEPFFKKSRAQDQQMRLPSFSRVFVDVLS
 PP

SEQ ID NO 52: secuencia de ácido nucleico AB247282 Camsi_cycD3 de *Camellia sinensis*

ATGGCTCAACCCCAACCCCAACCCCAACCCCAACCCCAACAACAGCAACAAAATCTTCCATTTG
 TTTTAGATGCTCTGTATTGCCAAGAACAACATTTGGAGGGAGGAGAGACAGAGGACTACTTCGA
 TTCAGAAGAGGAAGATTGTCATTACAGTGATAATATTGTTAGCCCTAAGCCTCCACAGCTACTG
 GAACAAGACCTGTTCTGGGAAGACGAAGAGTTGACCTCTTTGCTGTCAAAAGAACAAGAAAACC
 CCTTATTCCATAGTCTCGAAACAGACCCATCTTTGGGTGGGGCTCGGAGAGCCCGGTGGAGTG
 GTTGCTGAAGGTCAACGCCCACTACTCATTCTCTGCTCTCACGGCGGTCTCGCCGTGAACCTAC
 CTCGATAGGTTCTCTCTTCAGCTTCCATTTCCAGAGAGAGAAACCATGGATGACCCAACTTGCTG
 CTGTGGCTTGCTCTCTCTCTTGCTGCCAAAGTTGAGGAGACTGAAGTCCCACTCCTATTAGACCT
 CCAGGTGGAAGATAGTAGGTATGTTTTTGAGGCTAAAACAATTCAGAGAATGGAGATGCTGATA
 CTATCAACTCTTCAATGGAAGATGAATCCTGTGACTCCACTCTCATTTCTTGATCACATTACAA
 GGAGGTTAGGTTTGAAGAACAGACTTTGTTGTGAATTTCTCAAGAGATGCGAGTCAATCCTCCT
 CTGTATCATTTCTGATTCTAGGTTTCATGCTTTATCTTCCCTCCGTATTATCCACTGCCACAATG
 CTGCTCGTTTTTTAGTAGTCTAGAGCCCTGTCTCGCAGTAGAATACCAAAACCAACTCTTGGGTA
 TTCTTCAAATCGACAAGGACAAAGTGGAGGATTGCTATAAGTTAATGCTAGAATCAACATCAGG
 AATTCACCAATCCAACAAACGAAAGTTCCGATCAATGCCGGGCAGCCCAAATTGTGTACAGAT
 GTTTGTTTTCAGCTCCGACAGCTCGAACGACTCGTGGGCCGTGACATCCTCGGCATCTGCTTCGG
 CGTCGGTCTGTTCTCGCCGGAGCCATTGTCAAAGAAGAGCAGAGCTCAGGACCATAATGCAAC
 TGCAGATATTCTGAGCTTCCATTGCTAG

5

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 53: secuencia de polipéptido deducido AB247282 Camsi_cycD3 de *Camellia sinensis*

MAQPQPQPQPQPQQQQNLFFVLDALYCQEQHLEGGETEDYFDSEEDCHYSDNIVSPKPPQLL
EQDLFWEDEELTSLLSKEQENPLFHSLETDPSLGGARRAAVEWLLKVNAHYSFSALTAVLAVNY
LDRFLFSFHFQREKPMWTQLAAVACLSLAAKVEETEVPPLLLDLQVEDSRYVFEAKTIQRMELI
LSTLQWKMPVTPLSFLDHITRRLGLKNRLCCEFLKRCEIILLCIISDSRFMLYLPVSLSTATM
LLVFSSLEPCLAVEYQNQLLGILQIDKDKVEDCYKLMLESTSGIHQSNKRKFRSMPGSPNCVTD
VCFSSDSSNDSWAVTSSASASASVCSSPEPLSKKSRAQDHNATADILSFHC

SEQ ID NO 54: secuencia de ácido nucleico AB247283 Camsi_cycD3;2 de *Camellia sinensis*

ATGAAGAGGATGTCTCCTTACCCAGAGCAAGACTCACATCTACAGAACCCAATGTTTGTCTTTG
ACGGTCTCTACTGTGAAGAAGAGCATTTTGGAGGATGATTTGGGAGAGTATGGTTTGAACAAGG
GAGTGACAACCTGCGATGAGAATGTGAAAGGACCTTTAGTTTTCTTGGAACATGACTGGGATTGG
GATGATGATGAGCTTGTTTCTTTAATTTCCAAAGAGAAAGAGACCCATTTGGGTCTGAGTGT
TGAACCTCAGACGAGTCCTTAATGGTGGCAAGGAGAGAATCTGTTGATTGGATTTAAGGGTCAT
TGCTCACTATGGTTTCACTGTTTGGACCTGTTTGTAGCAGTTAACTACTTTGATAGATTCAAT
TCAAGCCTTTCAATTCAGAGAGAGAAGCCATGGATGAGTCAACTTGTGCTGTTGCTTGTCTCT
CTTTAGCTGCCAAAGTTGAGGAGACCCAAGTGCCCTTCTCTTAGACTTCCAAGTGGAGGAATC
AAGATTGTGTTTGAAGCCAAGACAATCCAGAGAATGGAGCTTCTGGTGCTATCTACTCTTCAA
TGAAGATGAATCCTGTGACCCCACTTTCAATTTGTTGATCACATTGTGAGGAGGTTTGGATTGA
AGACAAATTTGCATTTGGAGTTTCTGTGGAGGTGTGAGCGCCTTCTTCTCTGCCATCACTGA
TTCAAGGTTTGGGTGTTATCTTCTTCTGTATTGGCTGCTGCAACAATGTTACATGTTATCAAAA
GAGGTTGAGCCTTCTAATGTATTGGACTGTCAAAATGAGCTTATGGATGTTCTCAAAATGAGCA
AGGACAAAGTAGATGATTGCTACAAACTCATCCTCGAACTGCCTGGCAACAACAGTCAAAATGCA
ATGCCAAACCCACAAGCGCAAGTATCAGTCCATACCCAACAGCCCAAATGGTGTGATCGATGTG
AATTTCACTGCGATAGCTCGAACGATTTCTTGGGCAGTGACATCCTCAGTTTCATCATCACCAG
AACCCTGTTCAGAAGAGCAGAGTTCATGGTCAGCAGATGAGATTGGCTCCATTAAGGCATAT
GTCTGTGGGTGTAGTTGGCAGCCCTCGTTAA

5 SEQ ID NO 55: secuencia de polipéptido deducido AB247283 Camsi_cycD3;2 de *Camellia sinensis*

MKRMSFPYEQDShLQNPmfVFDGLYCEEEHFEDDLGEYGLEQGSdNCdENVKGpLVfLEHDWDW
DDDELvSLISKEKETHLGLSVLNSDESdLMVARRESVDWILRVIAHYGFTVLTTVLAVNYFDRFI
SSLSFQREKPMWSQLVAVACLSLAAKVEETQVPLLLDFQVEESKFVFEAKTIQRMELLVLSTLQ
WKMPVTPLSFVDHIVRRFGFKTNLHLEFLWRCERLLLSAITDSRFGCYLPSVLAAATMLHVIK
EVEPSNVLDQNELMDVLKMSKDKVDDCYKLILELPGNNSQMOCQTHKRKYQSIpNSpNGVIDV
NFSCDSSNDSWAVTSSVSSSPEPLFKKSRVHGQQMRLAPLRHMSVGvVGSpr

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 56: secuencia de ácido nucleico Citsi_CycD3 de Citrus sinensis compilado de CX676162 y CX676163

ATGGCATTTGGAGATGAACAATACCCTTCTTCATTCTTGCTTGATGCACTCTATTGTGAAGAAG
AAGAGTTAGAAGATGAGGTATTGACCAAGAAGATGATGAATGTAGCCAAAACAAAACCCAGC
TTGTTTGTTTTCTACTTCTTTGTTAGAACAAGACTTGTCTGGGAAGATGAAGAGCTCTTGCT
CTCTTCTCCAAAGAAGAGCAACAGCTTTTAAAGCAAGAAACACAAACCCATTATAAAGATTCCG
ATGTTCTTGTGTTGCTAGGAGTGAGGCTGTTGAGTGGGTGCTCAAAGTTAATGCTCATTATGG
GTTCTCTACTCTCACTGCAATACTGGCTATTAACATCTGGATAGGTTCCCTCCGTAGCTTCCAT
TTTCAAATAGATAAGCCTTGGATGATTACAGCTTTTGGCTGTCACCTGTCTCTCCCTGGCTGCTA
AAGTTGAAGAAACCAAGTGCCCTTCTCTTAGACCTTCAAGTTGAGGGGGCAAATATGTTTT
TGAGACCAAAGCCATACAAAGAATGGAGCTTTTGGTGCTCTCAACACTTGAATGGAAGATGCAT
CCAGTGACTCCAATTTTCATTTCTTGACCACATCATAAGAAGGCTTGGATTGAAGACATCTCTTC
ACTGGGAGTTTCTCAAGAGATGTGAGCGTCTGCTTCTCACTTTGGTCTCTGATTCAAGATCTGT
AAGTTACCTTCCTCAGTGTTGGCCACTGCCACAATGATGCACATAATAGACCAAGTTGAGCCT
GTGAATCCCCTTGATTATCAAAACCAGCTTCTAGGTGTGCTTAAAATAAGCAAGGAAAAAGTAA
GTGACTGTTACAAGTTGATTCTTGAGCTGGCTAATGCAAAAACCAATGCTAATAGTAATCCTCA
CAAGCGCAAGTTTGAAGCAATCCCTGGAAGCCCTGGTGGCGTGATTGATGCTACTGTGTTTAGC
TGTGATGAAAGCTCAAACGATTATCATGGTCAGTGGCATCATCATCAGTCCATCATCACCATCGT
CACCAGAGCCTCTCTTCAAAAAGAGCAGAGTCCAAGACCCACAAATGACTTTGCCAATGCCATC
TCTCAATCTCAATAGGGTCATTGTGGGCAGTCCAAGTTGA

SEQ ID NO 57: secuencia de polipéptido deducido Citsi_CycD3 de Citrus sinensis

MAFGDEQYPSSFLLDALYCEEELEDEVIDQEDDECSQKNPACLFSLLLLEQDLFWEEDELLS
LFSKEEQQLLKQETQTHYKDSVLLVVARSEAVEVVLKVNHYGFSTLTAILAINYLDRFLRSFH
FQIDKPWMIQLLAVTCLSLAAKVEETQVPLLLDLQVEGAKYVFETKAIQRMELLVLSTLEWKMH
PVTPIISFLDHIIRRLGLKTSLHWEFLKRCERLLLTLVSDSRVSYSYLPVLAATMMHIIIDQVEP
VNPVDYQNQLLGVLLKISKEKVSDCYKLILELANAKTNANSNPHKRKFPAIPGSPGGVIDATVFS
CDESSNDSWSVASSSVLSSPSSPEPLFKKSRVQDPQMTLPMPSLNLNRVIVGSPS

5 SEQ ID NO 58: secuencia de ácido nucleico AY439098 Glyma_CycD3 de Glycine max

ATGGCAATTCAGCACCACAATGAACAACCTAGAGCATAATGAAAATGTCTCATCTGTCCTTGATG
CCCTTTACTGCGATGAAGGAAAGTGGGAGGATGAAGAGGAGGAGGAAGAAGANTATGAAGAAAG
TGAAGTAACAACAAACACTGGAACCTCTCTTTTCCCTCTGCTCATGTTGGAGCAAGACTTGTTC
TGGGAAGATGAGGAACTAAACTCTCTCTTTTCCAAAGAGAAGGTTCACATGAAGAAGCCTATG
ACTATAACAATCTGAACAGTGATGATAATAGCAATGATCACAGTAATAATAACAATAATGTGCT
GTCGGACTCTTGCTCTCTCAGCCTCGTCGTGAGGCAGTGGAATGGATACTGAAAGTCAATGCT
CACTATGGATTCTCTGCTCTCACTGCAACACTGGCCGTTACTTACCTGGATAGGTTCCCTTCTAA
GCTTCCATTTTCAAAGGGAGAAGCCATGGATGATCCAGCTTGTGGCTGTCACTTGCATCTCTTT
GGCTGCAAAAGTTGAAGAACTCAAGTGCCTCTTCTCTTGACCTTCAAGTGCAAGACACAAAG
TATGTGTTTGAAGCAAGACTATTAGAGAATGGAGCTCCTGGTGCTGTCCACCCCTCAAATGGA
AGATGCACCCCGTGACACCCCTCTCTTTCTAGATCACATTATAAGAAGGCTTGGATTGAAAAC
ACATCTTCACTGGGAGTTTCTCAGGCGCTGTGAGCATCTTCTTTTGTCTGTGCTTTTAGATTCA

FIGURA 5 (continuación)

AGATTTGTTGGTTGTCTTCCTTCTGTGTTGGCCACTGCAACAATGCTGCATGTTATAGACCAGA
 TTAAACACAATGGTGGGATGGAATACAAAACCTCAGCTTCTGAGTGTTCTCAAAATTAGCAAGGA
 GAAAGTAGATGAGTGTTATAATGCAATTCCTCAACTCTCAAAGGCCAATAAATATGGTCATAAC
 AACATCAACAACACTAGCAAGCGCAAGTATGAGCAAATCCCAAGCAGCCCAAGTGGCGTAATTG
 ATGCTGCATTTTGTCTGTATGGTTCCAACGATTCTGTTGGGCAGTGGGGTCATCATTTATATTC
 ACCACCAGAGCCTCTCTTCAAGAAGAGCAGAACCCAAGGACAACAAATGAATTTGTCACCACTT
 AAACGGTTTCATTATCGGAATTGTTGGCACCCCTCCTTAA

SEQ ID NO 59: secuencia de polipéptido deducido AY439098 Glyma_CycD3 de Glycine max

MAIQHHNEQLEHNENVSSVLDALYCDEGKWEDEEEEEEXYEESEVTTNTGTSLFPLLMLEQDLF
 WEDEELNSLFSKEKVQHEEAYDYNLNSDDNSNDHSNNNNNVLSDSCLSQPRREAVEWILKVNA
 HYGFSAITATLAVTYLDRFLLSFHFQREKPMIQLVAVTCISLAAKVEETQVPLLLDLQVQDTK
 YVFEAKTIQRMELLVLSTLKWKMHPVTPLSFLDHIIRRLGLKTHLHWEFLRRCEHLLLSVLLDS
 RFVGCPLPSVLATATMLHVIDQIKHNGGMEYKTQLLSVLKISKEKVDECYNAILQLSKANKYGHN
 NINNTSKRKYEQIPSSPSGVIDA AFCSDGSND SWAVGSSLLYSPPEPLFKKSRTQGQMNLSPL
 KRFIIIGIVGTPP

5 SEQ ID NO 60: secuencia de ácido nucleico Goshi_CycD3 de Gossypium hirsutum compilada de DT571998 y DT543827.1

ATGGCAATACAGCAATATGAACAGCAGCAACAACAACCAGAGAATCACCCCTTCCTTCTTGCTAG
 ATGCTCTCTACTGTGAGGAAGAAGCGGATGCAGGGGAAGTTTATAGAGGAAGAGAGTTCTTGTTGT
 GGGCTGTAAATGGCGGAAACCCCTTCATTTTTCCCACTGTTGTTGTTAGAGCAGGATTTGTTT
 TGGGAAGACGGGGAGCTTCTTTCACTTTTTGCTAAAGAAAACAGAGCAGCAGCCGTCTTGTTTCA
 ATGTGGGAACCGATGAGTCCCTAGCAATGGCTCGCCGAGAGGCTGCCGAGTGGATGCTTAAAGT
 CAATGCTCGATTTGGATTCTCCACTCTCACGGCTGTACTTTCCATTAACTATTTGGACAGGTTC
 TTAAGTACCTTTTCAGTTTCAAAGAGATAATCCTTGGATGATCCAACCTCTGCGGTGTCACCTGTC
 TCTCTTTGGCTGCAAAAGTTGAAGAGACACAAGTGCCTCTGCTCCTAGACCTACAAGTGGAGGA
 GACAAAGTATGTTTTCGAGGCCAAAACCTATCCAAGAATGGAGCTTTTGGTGCTCTCCACACTG
 AAATGGAAGATGCATCCAATTACACCCCTTTTCATTTCTAGATCACATCATAAGAAGACTGGGGT
 TGAAAACCCACCTCCATTGGGAGTTTCTTAAGCGATGTGAGCGTCTCCTCCTCTGTGTAATCTC
 TGATGCAAGATCCATCCATTATCTTCCCTCTGTATTGGCTACTGCAACCATGATGCACGTCATA
 GACCAAGTTGAGCTTTTCAATCCCAATTGACTACCAAAATCAGCTGCTGAGTGTCTTAAATTA
 GCAAGGAAAAAGTAAACGATTGTTACAAGCTCATCCTTGATGTATCAACAAGACCCAGGCCCA
 AGGCAATGGTGGTGCATGTAAGAGGAAGGTGGAGGAGAGGGTTCCCTAGCAGCCCTAGTGGAGTG
 ATTGATGCTGCATTTGGCAGTGATAGCTCGAGCGATTCTTGGGGCACGGTGTCTTATCGCCTG
 AGCAGCAGCCACCTTTTAAAGAAGAGCAGAGCCCAAGAGCAAGTAATGCGTTTGCCATCACTCAA
 CCGAGTCTTTGTAGACATTGTTGGCAGCCCTTCTTAA

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 61: secuencia de polipéptido deducido Goshi_CycD3 de *Gossypium hirsutum*

MAIQQYEQQQQPENHPSFLLDALYCEEADAGEVLEEESCVGCNNGGNPSFFPLLLLEQDLF
WEDGELLSLFAKETEQQPSCFNVGTDES LAMARREAAEWMLKVNRFGFSTLTAVLSINYLDRF
LSTFQFQRDNPMIQLLGVTCLSLAAKVEETQVPLLLDLQVEETKYVFEAKTIQRMELLVLSTL
KWKMHPIITPLSFLDHIIRRLGLKTHLHWEFLKRCELRLLCVISDARSIHYPVSLATATMMHVI
DQVELFNPIDYQNQLLSVLKISKEKVNDYKILDLVSTRPQAQNGGACKRKVEERVPSPPSGV
IDAAFSDSSSDSWGTVSLSPSEQQPPFKKSRAQEQVMRLPSLNRVFDIVGSPS

SEQ ID NO 62: secuencia de ácido nucleico AP008090 Lotco_CycD3 de *Lotus corniculatus*

ATGGCAATCCATCAACATCATCACAACAATGTCATTGACCAGCTAGAACAAAATGAAAATGTTT
CTTCTGTCTTGGATGCTCTTTACTGTGATGAAGAAAAATGGGAGGAAGAGGAAGTAGAACAAAGT
GGTTGGAGAGTTATCTGAAGAAGAAACAAGTGATGTGACAACAACAATGACCCTAACAACACT
TGTTCTCTGTTTTCCCTGCTTTTGTGGAGCAAGACTTGTTCTGGGAAGATGAAGAACTCAACT
CTCTCTTCTCCAAAGAGAAGATCCAACACCAAACTATTATAATGATGTGAACCTCGGACCCCTT
TCTCTCTCAGCCTCGTCATGAGGCAGTGAAATGGATGCTTAAAGTCAATGCTCATTATGGATTCT
TCTGCTCTCACTGCAACACTTGCTGTTACCTACTTTGATAACTTCCTTTTGAGCTTCCATTTTC
AAAGTGAGAAGCCATGGATGATCCAGCTTGCTGCTGTTACTTGCATCTCTTTGGCAGCTAAAGT
TGAAGAAACCCAAGTGCCACTTCTCTTAGACCTTCAAGTGCAAGATGCTAAGTTTGTGTTGAG
GCAAGACCATTTCTGAAAATGGAGCTTCTGGTTCTGTCCACACTCAAATGGAAGATGCATCCTG
TGACTCCACTTTTCAATTTCTGGATCACATTATCAGAAGGCTTGGATTGAAAACACACCTTCATTG
GGAGTTTCTCAGGCGCTGTGAGCATCTTCTTTTGTCTGTGCTTTTAGATTCAAGATTGTGTTGGT
GTTCTTCTTCTGTGTTGGCCACTGCAACAATGCTGCATGTTATAGACCAGATTGAGAAGAGTG
ATGGGGTGGAATACAAAAGCAGCTTCTGGGTGTTCTCAAAATTAACAAGGGGAAAGTAGATGA
ATGCTATGATGCCATGCTTGAGCTTACAAATGCCAATGATTATGATGATAACAAGAAGCTTAAT
AAGCGCAAGTATGAGGAAATAATCCCTGGTAGCCCAAGTGGCGTCATTGATGCCGCATTTAACT
CTGATGGTTCCAACGATTCTGTGGACAGTGGGGTCATCATTGTTTTCATCCTCAGGCCAGAGTC
TCCTCTGTTCAAGAAAAGCAGAACCCTAAATGAAATTGTCACCACTTAACAGGGTCATTGTTGGA
ATTGTTAGCACTTACCTTGA

5 SEQ ID NO 63: secuencia de polipéptido deducido Lotco_CycD3 de *Lotus corniculatus*

MAIHQHNNVIDQLEQNENVSSVLDALYCEEKWEVEEQVVGELSEEETSDVTNNPNNT
CSLFPLLLLEQDLFWEDEELNSLFSKEKIQHONYNDVNSDPFLSQPRHEAVKWMMLKVNAHYGF
SALTATLAVTYFDNLFSLFHFQSEKPMIQLAAVTCISLAAKVEETQVPLLLDLQVQDAKFVFE
AKTILKMELLVLSTLKWMPVTPLSFLDHIIRRLGLKTHLHWEFLRRCEHLLSVLLDSRFVG
VLPSVLATATMLHVIDQIEKSDGVEYKKQLLGVLKINKGVDECYDAMLELTNANDYDDNKKLN
KRKYEEIIPGSPSGVIDAAFNSDGSNDSWTVGSSSLFSSSGPESPLFKKSRTQMKLSPLNRVIVG
IVSTSP

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 64: secuencia de ácido nucleico DY615488.1 Medtr_CycD3 de *Medicago truncatula*

ATGGCTATCCATCATCATCACAAATCACCAACAACCTTCAACAACACACTTCTTCTCTTTTGTG
ATGCACTTTACTGTGATGAAGAAGAAAAATGGGAAGATGATGATGAAGGAGAAGTTGTAGATGA
AGGAGCACAAAGTGATGTCACAACAACAACTATGATATATTGGACTCTACTTCCCTTTTACCT
CTGCTTTTGTTAGAACAGAACTTGTTCATGAAGATGAAGAATCAACACTCTTTTCTCCAAAG
AGATAACTCAACAAGAAACATATTACGAGGATCTGAAAAATGTGATCAACTTTGACTCACTCTC
TCAACCACGTCGTGAAGCTGTTGAATGGATGCTTAAAGTCAATGCTCATTATGGTTTCTCTGCT
CTCACTGCAACACTTGCTGTTAACTATCTTGATAGGTTTCTTTTAAGCTTCCATTTCACAAAAG
AGAAACCATGGATGATTACAGCTTGTGCTGTTACTTGCATCTCTTTAGCTGCTAAAGTTGAAGA
AACTCAAGTTTCTCTTCTCTTAGACCTTCAAGTGCAAGATACTAAATATGTGTTTGAGGCAAAG
ACTATTACAGAGAATGGAGCTATTGATTCTGTCAACACTGAAATGGAAGATGCATCCAGTGACAA
CACACTCTTTTCTAGATCACATTATAAGAAGGCTTGGATTGAAAATAATCTTCATTGGGAGTT
TCTTAGGCGCTGTGAGAATCTTCTTCTATCTGTACTTTTAGATTCAAGATTGTGTTGGTTGTGTT
CCTTCTGTGTTGGCCACTGCTACAATGTTGCATGTTATAGACCAGATTGAACAGAGTGATGATA
ATGGTGTGGATTACAAAAATCAGCTTCTTAATGTTCTCAAAATCAGCAAGGAGAAAGTTGATGA
ATGTTATAATGCGATTCTTCATCTTACAAATGCAAAATAATTATGGTCATAAACGAAAATATGAA
GAAATCCCTGGTAGTCCAAGTGGCGTAATTGATGCTGTTTTTAGTTCTGATGGTTCTAACGATT
CGTGGACAGTGGGAGCATCATATTTCAACCTCAGAGCCTGTGTTTAAGAAGACCAAGAATCA
AGGACAAAATATGAATTTGTACCGATTAAACAGGGTCATTGTGCGGAATTCTTGCCACTGCAACC
TCTCCTTAA

SEQ ID NO 65: secuencia de polipéptido deducido Medtr_CycD3 de *Medicago truncatula*

MAIHNNHHNHQQLQQTSSSLFDALYCDEEEKWEDDDGEVVDDEGAQSDVTTTNYDILDSTSLLP
LLLLEQNLFNEDEELNTLFSKEITQQETYYEDLKNVINFDLSQPRREAVEWMLKVNAYHGFSA
LTATLAVNYLDRFLLSFHFQKEKPWMIQLVAVTCISLAAKVEETQVPLLLDLQVQDTKYVFEAK
TIQRMELLILSTLKWKMHPVTTTHSFLDHIIRRLGLKTNLHWEFLRRCENLILLSVLDSRFVGC
PSVLATATMLHVIDQIEQSDDNGVDYKNQLLNVLKISKEKVDECYNAILHLTNANNYGHKRKYE
EIPGSPSGVIDAVFSSDGSNDSWTVGASSYSTSEPVFKKTKNQGNMNLSPINRVIVGILATAT
SP

5 SEQ ID NO 66: secuencia de ácido nucleico AB205135.1 Scuba_CycD3 de *Scutellaria baicalensis*

ATGGTTTCGGAATTTTCAGGAGCACGAATCCCTTCTCCAAAACCCTATCTTTGATGCCCTTTATT
GTGACGAGGAGCGTTTTGATGAATGTGTAGGCGGCGCTGGTTCGGGCTTCAAAGAGCCCGAAAT
CAACGATTTTAATGAGATTCACAATAACCTTTTGTCTTTCTGTTTGAGCACGACCTTTTCTGG
GAGAGTGAGGAGCTTGACGCCCTGTTAACGAAGGAGAAAACGCAGACCCATTTGACTTTTGATG
AAATAAACTCAGATGCGTCTTTGAAGGCGATGAGAAATGAGGCGATTAACTGGATGCTGAAGGT
GATTGCCCCACTACGGCTTCAATGCGCTGACTGCTGTTTTGGCTGTCAACTATTATGATAGATTC
ATCACTAGTGTGTTGTTTTGAGAAGGATAAGCCATGGATGAGTCAATTAGCTGCTGTGGCTTGTC
TTTCTGTAGCTGCCAAGGTGGAGGAACTCAAGTGCCCTTTTGTGTTGGATTACAAAGTTGAAGA
ATCTAAGTATTTGTTTGAAGCTAAGACCATCCAAAGAATGGAGCTTTTGGTGCTTTTCTACCCCTC
CAATGGAGGATGAATCCTGTGACGCCAATCTCATTCTTTGACCACATTGCAAGGAGATTTGAGT

FIGURA 5 (continuación)

TTGTAAAGAACCTACATTCTGTATTTTTAAGGAGGTGTGAGAGTTTAATCCTCTCCATTATCAC
 TGATTGTAGATTGGTAAAGTATTTTCCTTCAGTTATTGCTTCTGCAGCAATGATATATGCGATT
 AGAGAGTTTGAGACTCCTGATGCTCTGGAATATGAGGATCAACTCTTGAGTGTGCTAAGAACTA
 GCAAGGACAAAGTTGATGATTGCCGCAAACCTCATTGTGGATGCAATGTATGGTGGTTTCAGCCA
 CAAGCCTTGCTATAAACGCAAATATGAGTCGATCCCAAGCAGTCCAAGTGGTGTGATGATGCG
 TATTTGAGCTCTGATAGCTCTGTGATTCTGTGGGCTGTTACATTATCAGTGTGATCGTCGCCAG
 AGCCTTCGTTTAAGAGAAGCAAAGCTCAAGATCAGCACATGAGATTGGCTCCACTAAGCAGTGT
 ATCTCTTGGCCTTGCTCATCGTATTAATTGA

SEQ ID NO 67: secuencia de polipéptido deducido Scuba_CycD3 de *Scutellaria baicalensis*

MVSEFQEHESLLQNPIFDALYCDEERFDECVGAGSGFKEPEINDFNEIHNNPFAFLFEHDLFW
 ESEELDALLTKEKTQTHLTFDEINSDASLKAMRNEAINWMLKVIAHYGFNALTAFLAVNYDRF
 ITSVCFQKDKPWMSQLAAVACLVAKEETQVPLLLDLQVEESKYLFEAKTIQRMELLVLSTL
 QWRMNPVTPISFFDHIARRFEFVKNLHVSFLRRCESLILSIITDCRLVKYFPPSVIASAAMIYAI
 REFETPDALYEDQLLSVLRSTKDKVDDCRKLIVDAMYGGFSHKPCYKRKYESIPSSPSGVIDA
 YLSSDSSVDSWAVTSLSVSSSPEPSFKRSKAQDQHMLAPLSSVSLGLAHRIN

5

SEQ ID NO 68: *Zea mays* Zeama_CycD3 como 2 secuencias de ácido nucleico compilado de DV509394.1 y DV028752.1

ATGGCAGCTTTCGCCGCGTTGTTTCGACCCCTCTACTGCCCGGAGGAGCACCTCGATCTGTACC
 ACGAAGGACCCGTCGAGGTTGTGGACGAGCAGTGGCAGGACCAGCGCGGACAGCAGCAACCGGC
 GGCTCTTGACGACGAGCTGCCGCGCTGTTCGAGGCGCTCCGGGACAAGGAGGGGGTGGTGCTG
 GCGGGTGATGGGAGGAGGATGGGTACGGCGGCTCGGCAGGCCGGGAGGCCGAGTCGGCTGGG
 CGTCACGCGCCGCGGCACGGCTGGGCTTCTCTGCGCTCACTTCCGCGCTGTCCGCCGCTACCT
 GGACCGCTGCTTCTTCCCCGGGGCGCGCTCCGTCTCGGCGACCAGCCCTGGATGTCGCGCCTC
 GCCGCCGTCGCTGTGTGCGCTCGCCGCCAAGGTGAGGAAACGCGCGTGGCGCTGCTCCTCG
 ACCTCCAGCTCTGCGCCGCCGCGAGCTCCGACGCTGACGCGAGCGGACGCGGACGTGTTCGAGGC
 CAAGACGGTGCGCCGGATGGAGCTGCTCGTTCTCTCCGCGCTAGGGTGGCGGATGCACCCTGTC
 ACGCCCTTCTCCTACCTCCAGCCTGTCTCGCCGACGCTGCGATGCGCCTACGCAACTGCGAGG
 CCGTCTGCTCGCGGTGATGGCCGATTGGAGGTGGCCTCGGCACCGGCCCTCGGCGTGGGCCGC
 CGCCGCATTGCTCACCACAGCCGCGCGGCGACGAGCTCGGAGCTGCTCGCGCTCATCAAT
 GCCCCGAGGACGAGACCGCGGAGTGCGCCAAGATCATCTCCGAGGTGACAGGCATGAGCTTCC
 TTGTCTGCGACGTGCGCGGCATGATCGCCGGGAATAAGCGTAAGCACGCGGCGGCGCGGATGTA
 CTCGCCCGCGCTGAGCCCGAGCGGCGTGATCGGCGCGCTGTCTGCTTCAGCTGCGAGAGCTCG
 TTGTCCGCCACAGCGGACTCGCGCACCCCTCGCTACTACGGCTGCGGGGGTGGCCCCGTGGGCAC
 CGTCAGCGCCCGTGTCCGTGTCGCTTCCCCCTGAGCCCCCAGGTGGGGCCCCCAAGCGCGCTGC
 GCGGCGGGGGTCCCGCATCCGCTTCCCCCGACGAGGAGAGCCGCGACGCCTGGCCGTCCACC
 TCGCGCCGCTGA

FIGURA 5 (continuación)

SEQ ID NO 69: Zea mays Zeama_CycD3 como 2 secuencias de polipéptido deducido

MAAFAALFDPLYCPPEEHLDLYHEGPVEVVDQWQDQRGQQQPAALDDELPAALFEALRDKEGVVL
AGDGEEDGYGGSAGREAAVWASRAAARLGFSALTSALSAAYLDRCFLPGGALRLGDQPWMSRL
AAVACVALAAKVEETRVPLLLDLQLCAAASSDADAADADVFEAKTVRRMELLVLSALGWRMHPV
TPFSYLQPVLAADAMRLRNCEAVLLAVMADWRWPRHRPSAWAAAAALLTTAGGGDDDSSELLALIN
APEDETAECAKIISEVTGMSFLVCDVGGMIAGNKRKHAAARMYSPPLSPSGVIGALSCFSCCESS
LSATADSRTLATTAAGVGPWAPSAPVSVSSSPEPPGRAPKRAAAAGVPHPLPPDEESRDAWPST
CAA

SEQ ID NO 70: Zea mays Zeama_CycD3 como 3 secuencias de ácido nucleico compilado de DT948601.1 y DT642394.1

ATGGCAGCTTTTCGCCGCGCTGTTTCGACCCCCCTGTACTGCCCGGAGGAGCACCTCGATCTGTACC
GCGACGAACCCGGCGAGGGTGCGGACGAGCAGTGGCCGGGCCAGCACGGACAGCAGGAGCCGGC
TGTCCTCGACGACGAGCTGCCGCGCTGTTCGAGGCACACCGGGCCAAGGAGGGGGTGGTGCTG
GCGGAGGATGGCGGGTACGGCGGCGCAGCTGGGCGTGAGGCCGCGGTCGGCTGGGTTTCACGCG
CCGCGGCGCGGCTAGGCTTCTCCGCGCTCACCGCCGCGCTCGCCGCCGCTACCTCGACCGCTG
CTTCTCCCCGGGGGCGCGCTCCGGCTCGGCGACACAGCCCTGGATGGCGCGCCTAGCCGCCGTC
ACCTGCTTCGCGCTCGCCGCCAAGGTCGAGGAGACGCGCGTGCCGCCGCTCCTCGACCTCCAGC
TCTACGCGCCGCTGACGCCGCGGATCCGTACGTATTTCGAGGCCAAGACGGTGCGCCGGATGGA
GCTGCTCGTCTCTCCGCGCTTGGGTGGCGGATGCACCCCTGTACGCCCTTCTCCTACCTCCAG
CCGCTCCTCGCCGACGCTGCGACGCGCCTTCGCTAGCTGCGAGGGCGTCTGCTCGCGGTCATGG
CCGACTGGAGGTGGCCTCGGCACCGGCCCTTCGGCGTGGGCCGCCGCCGCGTTGCTGATCACAGC
CGCCGCCGGCGACGGCGGCGACGGCGACGGCGACACGGAGCTCCTGGCGCTCCTCATTTGCCCCC
GAGGACAAGACCGCCGAGTGTGCCAAGATCATCTCCGAGGTGACGGGCATGAGCTTCTTCGCCT
GCGATGTTCGGCGTGAGCGCCGGAATAAGCGTAAGCACGCGGCGGCGCAGTTGTACTCGCCGCC
GCCGAGCCCGAGCGGCGTGATCGGCGCGCTGTCTGCTTCAGCTGCGAGAGCTCGACGTCCGCC
ACCGCTATGGCTGCGGCGGTTCGGCCCGTGGGCGCCGTGGCGTCCGTGTCCGTGTCTCTCTC
CAGAGCCACCAGGTTCGGGCCCCCAAGCGCGCAGCGGCGGCGTGGCGTGGCGTGGCGTCCAGC
CGGGGTTCGCCCCACCGGTCCAGGTCCCGCATCAGCTACCCCCGACGAGGAGAGCCGCGACGCC
TGGCCGTCCACCTGCGCCGCGTGA

5

SEQ ID NO 71: Zea mays Zeama_CycD3 como 3 secuencias de polipéptido deducido

MAAFAALFDPLYCPPEEHLDLRDEPGEGADEQWPGQHQQEPVAVLDDELPAALFEAHRAKEGVVL
AEDGGYGAAGREAAVWVSRAAARLGFSALTAALAAAYLDRCFLPGGALRLGDQPWMARLA
TCFALAANKVEETRVPLLLDLQLYAAADAADPYVFEAKTVRRMELLVLSALGWRMHPVTPFSYLQ
PVLADAATRLRSCGVLLAVMADWRWPRHRPSAWAAAAALLITAAAGDGGDGDGDTCELLALIAP
EDKTAECAKIISEVTGMSFLACDVGVSAAGNKRKHAAALYSPPPSPSGVIGALSCFSCCESS
TAMAAAVGPWAPSASVSVSSSPEPPGRAPKRAAAASASASASAGVAPPVQVPHQLPPDEESRDA
WPSTCAA

FIGURA 5 (continuación)

10

motivo LxCxE

Antma_CycD3a	(1)	MYQ-----QNS-----PSLCPDGLMCEE	QNMWDNGSIINDCFIEEQEPF	SDLLKHDLL	70
Antma_CycD3b	(1)	MLF-----SHSQOTH-----LQNP	PFALQNE--HFDELD--LGSLKDP--GF--	INQIHNNQK	
Arath_CYCD3_1	(1)	MSI-----RKKEES-----REEQNSFL	MLACFE--KWDDEG--EEVRENSLSS-----		
Arath_CYCD3_2	(1)	ML-----EKKEEA-----SONGAPCV	MLACFE--TGFWEDDLDGDLFLRKS-----DE		
Arath_CYCD3_3	(1)	ML-----E-EEEE-----SONAPFCV	MLACFE--ES-----EFHEQVLDLDES-----VE		
Bupes_CycD3	(1)	ME-----STQISL	MLACFE--DGIGEDFDDGNEY-----VK		
Heltu_CycD3;1	(1)	MSI-----LSPYSSSF-----	MLACFE--QDDHBYHEYEYDEPTOT-----TLTD		
Medsa_CycD3	(1)	MSI-----HHHHHN-----HQQLQOHT	SSLFVADLCE--EKWEDDDEGEVVDGQAQ--SD--	VTTTNYDILD	
Nicta_CycD3;1	(1)	MSI-----EHNEQ-----QELSQSFL	MLACFE--EEKWGLVDDETITITPLSSE--VTTT	TTTTTTTK	
Nicta_CycD3;3	(1)	MSI-----QHNEHN-----QDQTSFL	MLACFE--RWEETIEDILEKEATLP--L--		
Pissa_CycD3	(1)	MSI-----HHHHHH-----HQQLHHN	SLDFALNCE--EKLEH--EQEDVSSQQS--DV--	TNNNDNMILD	
Popal_CycD3	(1)	MSF-----LQQOET-----HNQSPAL	MLACFE--XGFGEDYSCGLDDETSQVVDQ-----NVK		
Aqufo_CycD3	(1)	ML--HHQVQEQEQ-----ESTDPHF	VLSLFCFE--EKWREBEDLNESISIIINNNGT	TTTTTTTTSS	
Camsi_CycD3	(1)	MQPQPQPQPQPQPQ-----CQCNLPH	MLACFE--HLEGGRTEDYFDSEEDCHY--SDN	IVSPKP	
Camsi_CycD3;2	(1)	MCR-MSPYPEQDSH-----LQNP	MFVCLCE--HFEDDLG--RYGLEQG-----SDN	CENVK	
Arath_CycD3;3 modif	(1)	ML-----E-EEEE-----SONAPFCV	MLACFE--ES-----EFHEQVLDLDES-----VE		
Cheru_CycD3	(1)	MT-----LETEQEQ-----QPSQNSPL	MLACFE--CYWDYDYHDEDDFGSLNS-----		
Citsi_CycD3	(1)	MEP-----GDBQY-----PSSFL	MLACFE--E--LEDEVIDQEDDEC--SQNK-----	N	
Eupes_cycD3;1	(1)	MSN-----	HSPLFLYALACFE--DNWGEVVDYFHEQEDQGEN--	TSVFPNDT	
Glyma_CycD3	(1)	MSI-----QHUN-----EQLEHN	VSSVFLACFE--EKWDE--EEEEKYEE--SEV	TNTT	
Goshi_CycD3	(1)	MSI-----QQVEQ-----QQPEN	HPSFLACFE--ADAGEVLEBESSCVGCN-----	N-GG	
Helan_CycD3	(1)	MSI-----LSRYSSS-----	NILFCE--QVHEDE-----ELTH		
Lagsi_CycD3;1	(1)	MVP-----	PVALCE--HWNDEEEERGFHEQPYPS--NL	TRESSP	
Lagsi_CycD3;2	(1)	MAK--MALHSNKH-----TQRLH	SLFFFLACFE--QHLQTEHPFLNNGG-----	T	
Lotco_CycD3	(2)	MSI-----HQHHNN	VLDQLQENNVSSVFLACFE--EKWEEVEVQVVGELSEETS--	DVTNNDPNV	
Lyces_CycD3;1	(1)	MVP-----PLDSQ-----LQNP	SALMLACFE--RFLDDD--LGWSS--LDVGN	ENVK	
Lyces_CycD3;2	(1)	MSI-----ENN-----DQSF	FLVLCFE--EEKWGLLEDDEGVINPLL--LSS	GTPTKN	
Lyces_CycD3;3	(1)	MSH-----HYQEQL-----EAKIP	FLDLACFE--NN--ILTEVSIET--ESF	SSH--	
Nicta_CycD3;2	(1)	MVP-----PLDTQ-----LLNPI	FLVLCFE--RFLDDD--LGWSS--LEQVGN	NVK	
Poptr_CycD3	(1)	MSMYNPETSAVD-----CQCNPT	LIVFLACFE--NWVEVRDWFQDELEGE--	SYCSNNS	
Scuba_CycD3	(1)	MVS-----EFOEHESL-----LQNP	FLACFE--RFDCEVGGAGSGFKEPRIND--	FNRIHNP	
Orysa_CycD3	(1)	MVF-----	ATLPLACFE--HLDLFDHTAAD--DOL	HLDL	
Zeama_CycD3;2	(1)	MVA-----	FALPLACFE--HLDLYHEGPVEVVDQWQDQ--		
Zeama_CycD3;3	(1)	MVA-----	FALPLACFE--HLDLYRDEPGGADGQWPGQ--		
Consensus	(1)	MA-----	LLDPLYCEES--ED--E		
Antma_CycD3a	(49)	CGVD-----	EDDDKRESSSLCKEQR--YEL--YRVLED	NPS--IAKAS	140
Antma_CycD3b	(51)	KEEPTTF	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Arath_CYCD3_1	(45)	SSSPFV	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Arath_CYCD3_2	(49)	SVVKQFL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Arath_CYCD3_3	(41)	KFFFLNL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Bupes_CycD3	(35)	KRLSLSS	VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Heltu_CycD3;1	(42)	SSDLHL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Medsa_CycD3	(59)	STSLPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Nicta_CycD3;1	(56)	PNSLLPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Nicta_CycD3;3	(46)	PLP-----	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Pissa_CycD3	(54)	STSLPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Popal_CycD3	(50)	KBQNLSS	VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Aqufo_CycD3	(63)	VVELVPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Camsi_CycD3	(61)	PCFAB	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Camsi_CycD3;2	(53)	G-----	PLVFAHMDNDLDEAVSL	MLACFE--THLGLSVLNS--DPS--DGAAR	
Arath_CycD3;3 modif	(41)	KFFFLNL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Cheru_CycD3	(47)	SKLHDC	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Citsi_CycD3	(42)	PACLP	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Eupes_cycD3;1	(48)	-----	PVDNVEDSTSVMSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Glyma_CycD3	(50)	GTSLFPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Goshi_CycD3	(50)	NPSFPPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Helan_CycD3	(30)	QSSAIH	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Lagsi_CycD3;1	(44)	ILAV	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Lagsi_CycD3;2	(48)	NDPFL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Lotco_CycD3	(64)	TCSLFPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Lyces_CycD3;1	(47)	K-----	TLPLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Lyces_CycD3;2	(51)	SLLLPL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Lyces_CycD3;3	(45)	-----	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Nicta_CycD3;2	(46)	K-----	TLPLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Poptr_CycD3	(58)	KLNT	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Scuba_CycD3	(54)	FAFL	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Orysa_CycD3	(34)	HLHOPPP	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Zeama_CycD3;2	(37)	RGQQQP	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Zeama_CycD3;3	(37)	HQQQEP	MLACFE--VNLSSKFEQBOQAHLYGVDM	SDGFLKVRN	
Consensus	(71)	LLQDLF	WEDEEL--SLFSKEKE--F--L--L--AR		

FIGURA 6

FIGURA 6 (continuación)

cuadro relacionado CycD3

		28		350
Antma_CycD3a	(216)	CS	SVLS	SVLS
Antma_CycD3b	(230)	CS	SVLS	SVLS
Arath_CYCD3_1	(216)	CS	SVLS	SVLS
Arath_CYCD3_2	(225)	CS	SVLS	SVLS
Arath_CYCD3_3	(215)	CS	SVLS	SVLS
Eupes_CycD3	(211)	CS	SVLS	SVLS
Helitu_CycD3;1	(222)	CS	SVLS	SVLS
Medsa_CycD3	(239)	CS	SVLS	SVLS
Nicta_CycD3;1	(232)	CS	SVLS	SVLS
Nicta_CycD3;3	(217)	CS	SVLS	SVLS
Pissa_CycD3	(234)	CS	SVLS	SVLS
Popai_CycD3	(227)	CS	SVLS	SVLS
Aqufo_CycD3	(240)	CS	SVLS	SVLS
Camsi_CycD3	(230)	CS	SVLS	SVLS
Camsi_CycD3;2	(225)	CS	SVLS	SVLS
Arath_CycD3;3 modif	(215)	CS	SVLS	SVLS
Cheru_CycD3	(220)	CS	SVLS	SVLS
Citsi_CycD3	(221)	CS	SVLS	SVLS
Eupes_CycD3;1	(213)	CS	SVLS	SVLS
Glyma_CycD3	(245)	CS	SVLS	SVLS
Goshi_CycD3	(226)	CS	SVLS	SVLS
Helan_CycD3	(205)	CS	SVLS	SVLS
Lagsi_CycD3;1	(214)	CS	SVLS	SVLS
Lagsi_CycD3;2	(230)	CS	SVLS	SVLS
Loteo_CycD3	(241)	CS	SVLS	SVLS
Lyces_CycD3;1	(219)	CS	SVLS	SVLS
Lyces_CycD3;2	(227)	CS	SVLS	SVLS
Lyces_CycD3;3	(211)	CS	SVLS	SVLS
Nicta_CycD3;2	(220)	CS	SVLS	SVLS
Poptr_CycD3	(232)	CS	SVLS	SVLS
Scuba_CycD3	(226)	CS	SVLS	SVLS
Orysa_CycD3	(209)	CS	SVLS	SVLS
Zeama_CycD3;2	(212)	CS	SVLS	SVLS
Zeama_CycD3;3	(205)	CS	SVLS	SVLS
Consensus	(281)	CS	SVLS	SVLS

cuadro relacionado CycD3

		351		420
Antma_CycD3a	(284)	TS-VHFQS	---G-KR	TS-VHFQS
Antma_CycD3b	(298)	NN-QSYI	---LCH	NN-QSYI
Arath_CYCD3_1	(284)	VDRICLQIQI	---QSS	VDRICLQIQI
Arath_CYCD3_2	(293)	P---	SKRM	P---
Arath_CYCD3_3	(283)	P---	SKRM	P---
Eupes_CycD3	(279)	GKQDQG	---KRG	GKQDQG
Helitu_CycD3;1	(290)	YDHH	---KRG	YDHH
Medsa_CycD3	(309)	NANNYG	---KRG	NANNYG
Nicta_CycD3;1	(300)	SKPIS	---KRG	SKPIS
Nicta_CycD3;3	(285)	YNSIS	---KRG	YNSIS
Pissa_CycD3	(304)	NEZNYG	---KRG	NEZNYG
Popai_CycD3	(295)	GSQNR	---KRG	GSQNR
Aqufo_CycD3	(308)	LSPNRHGY	---G-KR	LSPNRHGY
Camsi_CycD3	(298)	SG-IHQ5	---KRG	SG-IHQ5
Camsi_CycD3;2	(293)	GNISQMQC	---QT-KR	GNISQMQC
Arath_CycD3;3 modif	(283)	PS---	SKRM	PS---
Cheru_CycD3	(288)	SNEKAR	---KRG	SNEKAR
Citsi_CycD3	(289)	NAKTNANS	---NPK	NAKTNANS
Eupes_CycD3;1	(281)	SR-YYGNO	---S-KR	SR-YYGNO
Glyma_CycD3	(313)	KANKYGHNTI	---NNTS	KANKYGHNTI
Goshi_CycD3	(294)	TRPQAQGN	---GGAC	TRPQAQGN
Helan_CycD3	(273)	YDNHKK	---KRG	YDNHKK
Lagsi_CycD3;1	(283)	RR-MGNQ	---FK	RR-MGNQ
Lagsi_CycD3;2	(299)	IKGSG	---KRG	IKGSG
Loteo_CycD3	(309)	NANDYDGN	---KKL	NANDYDGN
Lyces_CycD3;1	(287)	DTACYKLC	---QSL	DTACYKLC
Lyces_CycD3;2	(295)	SKPITS	---KRG	SKPITS
Lyces_CycD3;3	(279)	CN-IDFGS	---KRG	CN-IDFGS
Nicta_CycD3;2	(288)	GTSGYNIC	---QSL	GTSGYNIC
Poptr_CycD3	(300)	LR-DHFKL	---LSD	LR-DHFKL
Scuba_CycD3	(294)	YGG-FSHK	---PCY	YGG-FSHK
Orysa_CycD3	(275)	AA--AAAGGIVIGGE	---KRG	AA--AAAGGIVIGGE
Zeama_CycD3;2	(274)	GMSFLVCDVGGMIAGS	---KRG	GMSFLVCDVGGMIAGS
Zeama_CycD3;3	(272)	GMSFLACDVG-VSAGS	---KRG	GMSFLACDVG-VSAGS
Consensus	(351)	RRK	SI	RRK

FIGURA 6 (continuación)

		421		490
Antma_CycD3a	(318)	-----PLDSTAVSSS	PEPL	SKRIKTONPDH
Antma_CycD3b	(335)	-----SAVSSVSSS	PEPL	ERRIRAGGANPPH
Arath_CYCD3_1	(331)	-----SASSCNPTSSSS	POOCP	LRN
Arath_CYCD3_2	(322)	-----NVSTTASVSSSSS	PEPL	LRRRVVQRCOMR
Arath_CYCD3_3	(316)	-----VVSASASVSSSSS	PEPL	LRRRVVQRCOMR
Eupes_CycD3	(314)	-----GVSSSISSSS	PEPL	LRRRVVQRCOMR
Heltu_CycD3;1	(327)	-----ELNAHH	FRSIS	FRSIS
Medsa_CycD3	(344)	-----TVGASVSSS	PEPL	FRSIS
Nicta_CycD3;1	(334)	-----DLESTSEY	PEPL	FRSIS
Nicta_CycD3;3	(319)	-----DLQTSSTIFPTYSPRDQF	PEPL	FRSIS
Pissa_CycD3	(339)	-----KVGSVSSS	PEPL	FRSIS
Popal_CycD3	(330)	-----AVASSISSSS	PEPL	FRSIS
Aqufo_CycD3	(346)	-----ALASSVTSS	PEPL	FRSIS
Camsi_CycD3	(333)	-----AVTSSASASVSSS	PEPL	FRSIS
Camsi_CycD3;2	(332)	-----AVTSSVSSS	PEPL	FRSIS
Arath_CycD3;3 modif	(316)	-----VVSASASVSSSS	PEPL	FRSIS
Cheru_CycD3	(327)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Citsi_CycD3	(330)	-----AVGKSSVSSS	PEPL	FRSIS
Eupes_cycD3;1	(318)	-----AVGKSSVSSS	PEPL	FRSIS
Glyma_CycD3	(355)	-----AVGKSSVSSS	PEPL	FRSIS
Goshi_CycD3	(335)	-----GTVSSS	PEPL	FRSIS
Helan_CycD3	(309)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Lagsi_CycD3;1	(319)	-----EMGTIVSEYTHFSSSSSS	PEPL	FRSIS
Lagsi_CycD3;2	(354)	-----TVGSSLFSSS	PEPL	FRSIS
Lotco_CycD3	(350)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Lyces_CycD3;1	(326)	-----DL	PEPL	FRSIS
Lyces_CycD3;2	(330)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Lyces_CycD3;3	(315)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Nicta_CycD3;2	(327)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Poptr_CycD3	(338)	-----SVASSVSSS	PEPL	FRSIS
Scuba_CycD3	(332)	-----AVTSSVSSS	PEPL	FRSIS
Orysa_CycD3	(321)	-----SVDE	PEPL	FRSIS
Zeama_CycD3;2	(326)	DSRTLATTAAGVGPWAPASVSSS	PEPL	FRSIS
Zeama_CycD3;3	(323)	-----MAAAVGPWAPASVSSS	PEPL	FRSIS
Consensus	(421)	S SSVSSS	PEPL	FKK R Q Q M
				L L V
		491	518	
Antma_CycD3a	(344)	-----		
Antma_CycD3b	(362)	-----		
Arath_CYCD3_1	(373)	VATP		
Arath_CYCD3_2	(363)	LSSPR		
Arath_CYCD3_3	(356)	LSSPR		
Eupes_CycD3	(351)	LSSPH		
Heltu_CycD3;1	(355)	YKL		
Medsa_CycD3	(380)	LATATSP		
Nicta_CycD3;1	(368)	AVGSPH		
Nicta_CycD3;3	(363)	AVGSPH		
Pissa_CycD3	(375)	LATASATTSP		
Popal_CycD3	(367)	LSSPH		
Aqufo_CycD3	(382)	LSSPH		
Camsi_CycD3	(369)	FHC		
Camsi_CycD3;2	(368)	VGSPR		
Arath_CycD3;3 modif	(356)	LIVVLAKPSFLVQSGDITSPGGLGITG		
Cheru_CycD3	(344)	-----		
Citsi_CycD3	(370)	IVGSPS		
Eupes_cycD3;1	(351)	-----		
Glyma_CycD3	(392)	VGTPP		
Goshi_CycD3	(370)	VGSPS		
Helan_CycD3	(309)	-----		
Lagsi_CycD3;1	(353)	-----		
Lagsi_CycD3;2	(381)	-----		
Lotco_CycD3	(386)	VSTSP		
Lyces_CycD3;1	(360)	-----		
Lyces_CycD3;2	(360)	VGSPH		
Lyces_CycD3;3	(337)	-----		
Nicta_CycD3;2	(363)	GSSPR		
Poptr_CycD3	(373)	SPVP		
Scuba_CycD3	(368)	AMRIN		
Orysa_CycD3	(357)	DAMPYAA		
Zeama_CycD3;2	(379)	DAMPSTCAA		
Zeama_CycD3;3	(383)	DAMPSTCAA		
Consensus	(491)	-----		

FIGURA 6 (continuación)