

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 371 872**

51 Int. Cl.:
C12N 15/82 (2006.01)
C12N 5/10 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)
A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 96 Número de solicitud europea: **03808318 .4**
96 Fecha de presentación: **24.12.2003**
97 Número de publicación de la solicitud: **1578976**
97 Fecha de publicación de la solicitud: **28.09.2005**

54 Título: **PLANTAS QUE TIENEN CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO MODIFICADAS Y UN MÉTODO PARA SU ELABORACIÓN.**

30 Prioridad:
24.12.2002 EP 02080654

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
10.01.2012

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
10.01.2012

73 Titular/es:
CROPDESIGN N.V.
TECHNOLOGIEPARK 3
9052 ZWIJNAARDE-GENT, BE

72 Inventor/es:
SANZ MOLINERO, Ana Isabel

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

ES 2 371 872 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 características de crecimiento modificadas y un método para su elaboración

La presente invención se refiere a un método para modificar las características de crecimiento de las plantas. Más específicamente, la presente invención se refiere a un método para modificar las características de crecimiento de una planta mediante la modificación de la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína dedo de zinc la cual tiene dos dominios dedo de zinc del tipo C2H2 (2xC2H2). La presente invención se refiere también a las plantas que tienen una expresión modificada de un ácido nucleico que codifica una proteína dedo de zinc 2xC2H2, las cuales tienen características de crecimiento modificadas con respecto a las correspondientes plantas de tipo silvestre.

Ya que la población mundial está en continuo crecimiento, sigue siendo un objetivo importante de la investigación agrícola mejorar la eficiencia de la agricultura. Los medios convencionales para las mejoras hortícolas y de los cultivos utilizan técnicas de fitomejoramiento selectivo para identificar las plantas que tienen características deseables. Sin embargo, dichas técnicas de fitomejoramiento selectivo tienen varios inconvenientes, a saber, que estas técnicas son típicamente de mano de obra intensiva y dan como resultado plantas que contienen a menudo componentes genéticos heterogéneos que pueden no resultar siempre en la transmisión del rasgo deseable desde las plantas madre. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el germoplasma de animales y plantas de una manera específica y controlada. La ingeniería genética de plantas implica el aislamiento y la manipulación de material genético (por lo general en forma de ADN o de ARN) y la posterior introducción de ese material genético en una planta. Dicha tecnología ha conducido al desarrollo de plantas que tienen diferentes rasgos económicos, agronómicos y hortícolas mejorados. Un rasgo o característica de crecimiento de interés económico particular es el alto rendimiento. El rendimiento se define normalmente como el producto mensurable del valor económico de un cultivo. Este puede ser definido en términos de cantidad y/o de calidad. Otras características importantes de crecimiento incluyen arquitectura modificada, tasa de crecimiento modificada, entre otros.

La capacidad de influir en una o más de las características de crecimiento antes mencionadas, tendría muchas aplicaciones en áreas tales como el mejoramiento de los cultivos, el fitomejoramiento de plantas, la producción de plantas ornamentales, la arboricultura, la horticultura, la silvicultura, la producción de algas o de plantas (por ejemplo, para su uso como biorreactores, para la producción de sustancias como productos farmacéuticos, anticuerpos o vacunas, o para la bioconversión de residuos orgánicos o para uso como combustible en el caso de algas y plantas de alto rendimiento).

El término "dedo de zinc", describe un dominio de enlazamiento de ácido nucleico en una proteína que se pliega en torno a un ion de Zinc coordinado en tetraedros (Miller et al. 1985. EMBO, 4, 1609 - 1614). Los aminoácidos que coordinan al ion de zinc, siempre son residuos de cisteína o de histidina, sin embargo, se presenta diversidad en la secuencia y la longitud del dominio del dedo de zinc. Las proteínas con dedos de zinc pueden contener diferentes dominios del dedo de zinc del mismo o de diferente tipo. En la naturaleza se encuentra una variabilidad adicional por la asociación de los dominios del dedo de zinc con otros dominios. Por ejemplo, algunas proteínas con dedos de zinc se encuentran asociadas con dominios de dedo anular o dominios de espiral - espiral, para formar un dominio denominado tripartita. Existen diferentes tipos de dedos de zinc, tales como C2H2, C2HC, C2C2. C2H2 se conoce como el dominio clásico de dedo de zinc. Normalmente, hay dos criterios utilizados para clasificar las proteínas con dedos de zinc, siendo el primero el tipo de dedo de zinc y el segundo el número de dedos de zinc presentes en la proteína. Las proteínas con dedos de zinc con un único dominio C2H2 han sido caracterizadas, por ejemplo, Superman de *Arabidopsis* y Ramosa de maíz. Una proteína con dedos de zinc bien caracterizada que tiene tres dominios C2H2 es la proteína indeterminada I de maíz. Aunque el primer informe de este gen (Colasanti et al, Cell 15 de mayo de 1988; 93 (4) : 593 - 603) sólo menciona la presencia de dos dominios de dedo de zinc, un análisis más sofisticado, usando la búsqueda del dominio en pFAM, reveló la presencia de tres dominios de dedos de zinc C2H2. También se conocen proteínas con dedos de zinc que tienen únicamente dos dominios C2H2, por ejemplo ZAT10 (STZ) y SCOF-1. Este subconjunto de proteínas vegetales con dedos de zinc que tiene dos dominios C2H2 han sido implicados en las respuestas de las plantas a varios tipos de estrés (Sakamoto et al., Gene 248 (1 - 2) 23 - 32 (2000)). Tanto STZ como SCOF-1 han sido utilizados para mejorar la tolerancia al estrés abiótico. Cuando se sobreexpresan, se ha reportado que STZ aumenta la tolerancia a la sal en levadura (Lippuner et al., J Biol Chem. 271 (22) 12859 - 12866 (1996)) y se ha reportado que la sobreexpresión del gen para SCOF-1 bajo el control del promotor 35S del CaMV mejora la tolerancia al frío en *Arabidopsis thaliana* (Kim et al. Plant J. 25 (3) 247 - 259 (2001)). Los informes de plantas que tienen expresión modificada de un gen que codifica el dedo de zinc (ya sea que el gen del dedo de zinc esté mutado, sobreexpresado o no) describen plantas que tienen características de crecimiento anormal, ninguna de las cuales (con la excepción de la tolerancia al estrés por frío en plantas transgénicas que expresan SCOF -1) son deseables para cultivos o describen los efectos que sólo se pueden detectar bajo condiciones de estrés particular.

La presente invención proporciona un contenido como el expuesto en todos y cada uno de los ítems (1) a (17) siguientes:

conocidos en el arte.

Adicionalmente o alternativamente, la modificación de la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 y/o la modificación del nivel y/o de la actividad de la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 se puede efectuar por medios recombinantes. Tales medios recombinantes puede incluir un enfoque directo y/o indirecto para modificar la expresión de un ácido nucleico y/o del nivel y/o de la actividad de una proteína.

Por ejemplo, un enfoque indirecto puede incluir la introducción, en una planta, de un ácido nucleico capaz de modificar la expresión del gen en cuestión (un gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2) y/o capaz de modificar el nivel y/o la actividad de la proteína en cuestión (una proteína con dedos de zinc 2xC2H2). Los ejemplos de tales ácidos nucleicos que se introducen en una planta incluyen ácidos nucleicos que codifican factores de transcripción o activadores o inhibidores que se unen al promotor de un gen para el dedo de zinc 2xC2H2 o que interactúan con una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Métodos para analizar estos tipos de interacciones y los métodos para el aislamiento de ácidos nucleicos que codifican tales interactuadores incluyen filtros de un solo híbrido de levadura o de un doble híbrido de levadura en los que se utiliza el gen para el dedo de zinc 2xC2H2/la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 como cebo. Un ejemplo de tal regulador de la transcripción es LOS2, descrito como un regulador de la transcripción para el gen de STZ. Por lo tanto, el método descrito aquí puede ser llevado a cabo también utilizando LOS2, en donde la expresión de un gen para el dedo de zinc 2xC2H2 puede ser incrementada o incrementada aún más por medio de la disminución de la expresión de LOS2 en las plantas.

También es abarcado por medio de un enfoque indirecto la modificación de la expresión de un gen para un dedo zinc 2xC2H2 y/o para modificar el nivel y/o la actividad de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2, el suministro de, o la inhibición o estimulación de las secuencias reguladoras que provocan la expresión de un gen o transgén nativo para el dedo de zinc 2xC2H2. Tales secuencias reguladoras pueden ser introducidas en una planta. Por ejemplo, la secuencia reguladora que se introduce en una planta puede ser un promotor capaz de provocar la expresión de un gen endógeno para el dedo de zinc 2xC2H2.

Un enfoque indirecto adicional para modificar la expresión de un gen para el dedo de zinc 2xC2H2 y/o para modificar el nivel y/o la actividad de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 en una planta abarca la modificación de los niveles en una planta de un factor capaz de interactuar con una proteína con dedos de zinc. Tales factores pueden incluir ligandos de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Por lo tanto, la presente especificación describe un método para modificar las características de crecimiento de una planta, que comprende la modificación de la expresión de un gen que codifica para una proteína que es un ligando natural de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Además, la presente especificación describe un método para modificar las características del crecimiento de una planta, que comprende la modificación de la expresión de un gen que codifica para una proteína que es un objetivo natural / sustrato de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Los ejemplos de tales objetivos / sustratos incluyen tramos de ADN que están enlazados por medio de los dominios de dedos de zinc.

Un enfoque directo y preferido en cambio consiste en introducir en una planta un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 o una porción de la misma o secuencias capaces de hibridar con la misma, cuyo ácido nucleico preferentemente codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 o un homólogo, derivado o fragmento activo de la misma. El ácido nucleico puede ser introducido en una planta, por ejemplo, por medio de transformación.

Por lo tanto, se proporciona un método para modificar las características del crecimiento de una planta, que comprende la introducción en una planta de un ácido nucleico para un dedo de zinc 2xC2H2 o una porción del mismo.

El ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 se pueden derivar (ya sea directa o indirectamente (si es posteriormente modificado)) a partir de cualquier fuente, siempre que la secuencia, cuando se expresa en una planta, conduzca a la expresión modificada de un ácido nucleico/gen que codifique un dedo de zinc 2xC2H2 y/o a un nivel y/o actividad modificada de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. El gen o la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 pueden ser de tipo natural, es decir, el ácido nucleico endógeno o nativo o el polipéptido. Alternativamente, puede ser una proteína o ácido nucleico derivado de la misma o de otra especie. El ácido nucleico / gen pueden ser introducidos luego en una planta como un transgén, por ejemplo, por medio de transformación.

El ácido nucleico puede ser aislado de una fuente bacteriana, de levadura u hongo, o de una planta, alga, insecto o animal (incluyendo humanos). Este ácido nucleico puede ser sustancialmente modificado a partir de su forma nativa en composición y/o ambiente genómico a través de manipulación humana deliberada. El ácido nucleico se obtiene preferentemente a partir de una planta, ya sea de la misma especie vegetal en la que se va a introducir, o de una especie vegetal diferente. Preferiblemente además, el ácido nucleico de una dicotiledónea, preferiblemente de la familia *Brassicaceae*, aún más preferiblemente de *Arabidopsis thaliana*. Más preferiblemente, el ácido nucleico es esencialmente similar a un ácido nucleico como el representado por medio de la SEQ ID NO 1, o una porción de la SEQ ID NO 1, o un ácido nucleico capaz de hibridar con el mismo o es un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos esencialmente similar a un aminoácido como el representado por la SEQ ID NO 2, o un homólogo,

derivado o fragmento activo del mismo.

Convenientemente, los métodos como los descritos aquí también pueden ser practicados utilizando una variante de los ácidos nucleicos para el dedo de zinc 2xC2H2 y una variante de los aminoácidos del dedo de zinc 2xC2H2, de preferencia en el que los ácidos nucleicos de la variante son variantes de la SEQ ID NO 1 y en donde los aminoácidos de la variante son variantes de la SEQ ID NO 2. Los ejemplos de secuencias variantes adecuadas para llevar a cabo los métodos de la invención incluyen:

- (i) Porciones funcionales de un ácido nucleico/gen para el dedo de zinc 2xC2H2;
- (ii) Secuencias capaces de hibridar con un ácido nucleico/gen para el dedo de zinc 2xC2H2;
- (iii) Variantes alternativas de empalme de un ácido nucleico/gen para el dedo de zinc 2xC2H2;
- (iv) Variantes alélicas de un ácido nucleico/gen para el dedo de zinc 2xC2H2;
- (v) Homólogos, derivados y fragmentos activos de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2.

Las variantes anteriormente mencionadas también pueden ser descritas como "esencialmente similares" a un ácido nucleico/gen para el dedo de zinc 2xC2H2, en particular al ácido nucleico que codifica para el dedo de zinc 2xC2H2 de la SEQ ID NO 1, o esencialmente similar a un aminoácido/proteína de un dedo de zinc 2xC2H2, particularmente aquella de la SEQ ID NO 2. El término "esencialmente similares a" también incluye las variantes de la SEQ ID NO 1 en la forma de un complemento, ADN, ARN, ADNc o ADN genómico. El ácido nucleico de la variante que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 o la variante de una proteína de dedos de zinc 2xC2H2 pueden ser sintetizados en su totalidad o en parte, puede ser un ácido nucleico de doble cadena o un ácido nucleico de una sola cadena. El término abarca también una variante debida a la degeneración del código genético; un miembro de la familia del gen o la proteína; y las variantes que son interrumpidas por una o más secuencias intervinientes.

Un ejemplo de una variante de un ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 es una porción funcional de un gen para el dedo de zinc 2xC2H2. Convenientemente, un método como el descrito aquí también puede ser practicado utilizando porciones de un ADN o ácido nucleico que codifique una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Una porción funcional se refiere a un trozo de ADN derivado o preparado a partir de una molécula de ADN original (más grande), cuya porción del ADN, cuando se expresa en una planta, produce plantas que tienen características de crecimiento modificadas. La porción puede incluir muchos genes, con o sin elementos de control adicionales o puede contener secuencias espaciadoras. La porción puede ser elaborada haciendo una o más supresiones y/o truncamientos al ácido nucleico. Las técnicas para introducir truncamientos y supresiones en un ácido nucleico son bien conocidas en el arte. Las porciones adecuadas para su uso en métodos como los descritos aquí puede ser fácilmente determinadas por medio de los siguientes métodos descritos en la sección de Ejemplos, simplemente sustituyendo la secuencia utilizada en el Ejemplo real con la porción que va a ser analizada en cuanto a funcionalidad.

Un ejemplo de una variante adicional de un ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 es una secuencia que es capaz de hibridar a un ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2, por ejemplo, a cualquiera de las SEQ ID NO 1, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 41, 43, 45, 47 ó 49. Convenientemente, métodos como los descritos aquí también se puede practicados utilizando estas variantes. Las secuencias de hibridación adecuadas para su uso en métodos como los descritos aquí pueden ser fácilmente determinadas, por ejemplo, siguiendo los métodos descritos en la sección de Ejemplos, simplemente sustituyendo la secuencia utilizada en el Ejemplo real con la secuencia de hibridación.

El término "hibridación" como se define aquí es un proceso en el que las secuencias de nucleótidos complementarias sustancialmente homólogas hibridan entre sí. El proceso de hibridación puede darse por completo en solución, es decir, ambos ácidos nucleicos complementarios están en solución. Las herramientas en biología molecular que confían en este proceso incluyen la reacción en cadena de la polimerasa (PCR; y todos los métodos basados en la misma), la hibridación sustractiva, la extensión del iniciador al azar, el mapeo de la nucleasa S1, la extensión del iniciador, la transcripción inversa, la síntesis de ADNc, el despliegue diferencial de los ARN, y la determinación de la secuencia del ADN. El proceso de hibridación también puede ocurrir con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizado en una matriz tal como perlas magnéticas, cuentas de Sefarosa o cualquier otra resina. Las herramientas de la biología molecular que confían en tales procesos incluyen el aislamiento de poli (A+) ARNm. El proceso de hibridación puede ocurrir además con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados en un soporte sólido, tal como una de membrana de nitrocelulosa o de nylon o inmovilizado por ejemplo mediante fotolitografía, por ejemplo, un soporte de vidrio síliceo (este último conocido como arreglos o microarreglos de ácido nucleico o como chips de ácido nucleico). Las herramientas de la biología molecular que confían en este proceso incluyen análisis de transferencias en gel de ARN y ADN, hibridación en colonias, hibridación en placa, hibridación *in situ* e hibridación de microarreglos. A fin de permitir que se produzca la hibridación, las moléculas de ácido nucleico se desnaturalizan generalmente térmicamente o químicamente para fundir una cadena doble en dos cadenas individuales y/o para remover horquillas u otras estructuras secundarias de ácidos nucleicos monocatenarios. La rigurosidad de la hibridación está influenciada por condiciones tales como la temperatura, la concentración de sal y la composición del amortiguador de hibridación. Las condiciones de alta rigurosidad para la hibridación incluyen alta temperatura y/o baja concentración de sal (las sales incluyen NaCl y citrato de Na₃) y/o la inclusión de formamida en el amortiguador de hibridación y/o la disminución de la concentración

de compuestos tales como el SDS (detergente) en el amortiguador de hibridación y/o la exclusión de compuestos tales como el sulfato de dextrano o polietilenglicol (que promueven hacinamiento molecular) del amortiguador de hibridación. Las condiciones convencionales de hibridación son descritas, por ejemplo, en Sambrook (2001) Clonación molecular: un manual de laboratorio, 3ª Edición de Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York, pero las personas calificadas se darán cuenta que se pueden diseñar numerosas condiciones de hibridación diferentes en función de la homología conocida o la esperada y/o la longitud de la secuencia de ácido nucleico. Se prefieren particularmente condiciones de hibridación con rigurosidad suficientemente baja (al menos en primera instancia) para aislar los ácidos nucleicos heterólogos a las secuencias de ADN de la invención se definidas más arriba. Un ejemplo de condiciones de baja rigurosidad es 4 - 6x SSC / 0,1 - 0,5% p/v de SDS a 37 - 45 ° C durante 2 - 3 horas. Dependiendo de la fuente y concentración del ácido nucleico involucrado en la hibridación, se pueden emplear condiciones alternativas de rigurosidad, tales como condiciones de rigurosidad media. Los ejemplos de condiciones de rigurosidad media incluyen 1 - 4x SSC / 0,25% p/v de SDS a ≥ 45 °C durante 2 - 3 horas. Un ejemplo de condiciones de alta rigurosidad incluye 0,1 a 2x SSC / 0,1% p/v de SDS a 60 °C durante 1 - 3 horas. La persona capacitada se dará cuenta que diferentes parámetros pueden ser alterados durante la hibridación y el lavado y que, o bien mantendrán o cambiarán las condiciones de rigurosidad. Las condiciones de rigurosidad puede comenzar con niveles bajos y ser incrementados progresivamente hasta que se produzca la hibridación del ácido nucleico, tal como se definió aquí anteriormente. Los elementos que contribuyen a la heterología incluyen alelismo, degeneración del código genético y diferencias en el uso del codón preferido.

Otra variante del ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 útil en la práctica los métodos de acuerdo con la presente invención es una variante alternativa de empalme de una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. El término "variante alternativa de empalme" como se usa aquí incluye las variantes de una secuencia de ácido nucleico en el que los intrones y/o los exones seleccionados han sido eliminados, reemplazados o añadidos. Tales variantes de empalme se pueden encontrar en la naturaleza o pueden ser elaborados por el hombre. Los métodos para elaborar tales variantes de empalme son bien conocidos en el arte. Las variantes de empalme adecuadas para su uso en los métodos de acuerdo con la invención pueden ser fácilmente determinadas, por ejemplo, siguiendo los métodos descritos en la sección de Ejemplos, simplemente sustituyendo la secuencia utilizada en el Ejemplo real con la variante de empalme.

Otra variante de ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 útil en la realización de los métodos de acuerdo con la presente invención es una variante alélica de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Existen variantes alélicas en la naturaleza y dentro de los métodos de la presente invención está incluido el uso de estos alelos naturales. Las variantes alélicas también abarcan Polimorfismos de Nucleótidos Únicos (SNP), así como Polimorfismos de Pequeñas Inserciones / Supresiones (INDEL). El tamaño de los INDEL suele ser inferior a 100 pb. Los SNP y los INDEL constituyen el mayor grupo de variantes de secuencia en cepas polimórficas de origen natural de la mayoría de los organismos. Las variantes alélicas adecuadas para uso en los métodos de acuerdo con la invención pueden ser fácilmente determinadas, por ejemplo, siguiendo los métodos descritos en la sección de Ejemplos, simplemente sustituyendo la secuencia utilizada en el Ejemplo real con la variante alélica.

La especificación describe un método para modificar las características de crecimiento de la planta, que comprende la modificación de la expresión en una planta de una variante alternativa de empalme o la expresión en una planta de una variante alélica de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 y/o por medio de la modificación del nivel y/o la actividad en una planta de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 codificada por la variante alternativa de empalme o variante alélica.

Los ejemplos de variantes de las proteínas con dedos de zinc 2xC2H2 útiles en la práctica de los métodos como los descritos aquí son homólogos, derivados o fragmentos funcionales de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2.

Los "homólogos" de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, supresiones y/o inserciones de aminoácidos en relación con la proteína sin modificar en cuestión y que tienen actividad biológica y funcional similar como la de la proteína sin modificar de la que se derivan. Para producir tales homólogos, se pueden reemplazar aminoácidos de la proteína por otros aminoácidos que tienen propiedades similares (tales como similar hidrofobicidad, hidrofiliidad, antigenicidad, propensión a formar o romper estructuras α -helicoidales o estructuras de lámina β). Las tablas de sustituciones conservadoras son bien conocidas en el arte (véase, por ejemplo, Creighton (1984) Proteins. W. H. Freeman and Company). Los homólogos útiles en el método como se describe aquí tienen al menos en orden creciente de preferencia 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 52%, 54%, 56%, 58%, 60%, 62%, 64 %, 66%, 68%, 70%, 72%, 74%, 76%, 78%, 80%, 82%, 84%, 86%, 88%, 90%, 92%, 94%, 96%, 98% de identidad de secuencia o similitud con una proteína no modificada.

El porcentaje de identidad se puede calcular mediante el uso de un programa de alineación bien conocido en el arte. Por ejemplo, el porcentaje de identidad se puede calcular utilizando el programa GAP, o aguja (paquete EMBOSS) o extensor (paquete EMBOSS) o el programa de alineación X, como un módulo del paquete de software Vector NTI suite 5.5, utilizando los parámetros estándar (por ejemplo, penalización de 5 por brecha (GAP), penalización de 15

por apertura de brecha (GAP), penalización de 6,6 por extensión de la brecha (GAP)).

De acuerdo con otra modalidad de la presente invención, la secuencia de ácido nucleico útil en los métodos de la presente invención es un ácido nucleico que codifica una proteína homóloga a la SEQ ID NO 2.

5 Los métodos para la búsqueda e identificación de homólogos de proteínas con dedos de zinc 2xC2H2, por ejemplo homólogos del dedo de zinc STZ, estarían en el ámbito de una persona experta en el arte. Tales métodos, involucran la selección en bases de datos de secuencias con las secuencias proporcionadas por la presente invención, por ejemplo, la SEQ ID NO 2 (o la SEQ ID NO 1), preferiblemente en un formato legible por un ordenador. Esta información de la secuencia pueden estar disponible en bases de datos públicas, que incluyen pero no se limitan al GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/web/Genbank>), la European Molecular Biology Laboratory Nucleic Acid Database (EMBL) (<http://tw.ebi.ac.uk/ebi-docs/embl-db.html>) o versiones de la misma o la base de datos MIPS (<http://mips.gsf.de/>). Diferentes algoritmos de búsqueda y el software para la alineación y comparación de las secuencias son bien conocidos en el arte. Tales métodos incluyen GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. GAP utiliza el algoritmo de Needleman y Wunsch (J. Mol Biol. 48: 443 - 453, 1970) para encontrar la alineación de dos secuencias completas que maximiza el número de coincidencias y reduce al mínimo el número de brechas. El algoritmo BLAST calcula el porcentaje de identidad de secuencia y realiza un análisis estadístico de la similitud entre las dos secuencias. La suite de programas denominada como programas BLAST tiene 5 diferentes implementaciones: tres diseñadas para las consultas de secuencia de nucleótidos (BLASTN, BLASTX y TBLASTX) y dos diseñadas para realizar consultas de la secuencia de proteína (BLASTP y TBLASTN) (Coulson, Trends in Biotechnology: 76 - 80, 1994; Birren et al, GenomeAnalysis, 1: 543, 1997). El software para realizar análisis por BLAST está disponible públicamente a través del National Centre for Biotechnology Information.

25 Los parámetros predeterminados de BLAST para hallar homólogos útiles de cualquiera de las SEQ ID NO 1, SEQ ID NO 2 o de cualquiera de las SEQ ID NO 10 y SEQ ID NO 50, son, cuando se compara la secuencia de nucleótidos G (Costo para abrir una brecha) 5, E (Costo para extender una brecha predeterminada) 2, q (Penalización por una falta de correspondencia) -3, r (Recompensa para una coincidencia) 1, e (Valor esperado (E)) 10.0, W (Tamaño de palabra) 11, V (Número de descripciones en línea) 100 y B (Número de alineaciones para mostrar) 100. Cuando se comparan las secuencias de proteína, los parámetros predeterminados son preferentemente G 11, E 1, el valor e 10.0, W 3, 100 y B 100.

30 Los análisis anteriormente mencionados para la comparación de secuencias, para el cálculo de la identidad de secuencia y para la búsqueda de homólogos, se hace preferiblemente con secuencias de longitud completa o dentro de una región conservada de la secuencia. Por lo tanto, estos análisis se puede basar en una comparación de ciertas regiones tales como dominios, motivos o cajas conservados.

35 La identificación de tales dominios o motivos, por ejemplo el motivo y las cajas como las representadas por la SEQ ID NO 5, 6, 7, 8 y 9, también estaría dentro del ámbito de una persona calificada en el arte e involucra, por ejemplo, un formato legible por un ordenador de las proteínas de la presente invención, el uso de programas de software de alineación y el uso de información públicamente disponible sobre los dominios de la proteína, los motivos conservados y las cajas. Esta información del dominio de la proteína está disponible en el PRODOM (<http://www.biochem.ucl.ac.uk/bsm/dbbrowser/iJ/prodomsrchj.html>), PIR (<http://pir.georgetown.edu/>) o en la base de datos pFAM (<http://pfam.wustl.edu/>). Para la identificación de los dominios de los dedos de zinc, tal como el dominio del dedo de zinc 2xC2H2, se prefiere pFAM. Se pueden utilizar programas para el análisis de la secuencia diseñada para la búsqueda del motivo para la identificación de fragmentos, regiones y dominios conservados como se mencionó anteriormente. Los programas de ordenador preferidos incluirían, pero sin limitarse a MEME, SIGNALSCAN y GENESCAN. Se puede encontrar un algoritmo MEME (versión 3.0) en el paquete GCG; o en el sitio de Internet <http://www.sdsc.edu/MEME/meme>. La información de SIGNALSCAN versión 4.0 está disponible en el sitio de Internet <http://biosci.cbs.umn.edu/software/sigscan.html>. GENESCAN se puede encontrar en el sitio de Internet <http://gnomic.stanford.edu/GENESCANW.html>.

En la actualidad, los motivos de dedos de zinc se subdividen en más de 40 clases diferentes que pueden encontrarse en la base de datos Pfam de familias de proteínas presentes en el Instituto Sanger (<http://www.sanger.ac.Uk/Software/Pfam/browse/Z.shtml>).

50 El motivo del dedo de zinc C2H2 (ZF-C2H2) es el dominio clásico de dedos de zinc. Se reconoció por primera vez en el factor de transcripción IIIA (TFIIIA) de Xenopus (Miller et al. 1985). El dominio es típicamente de 25 a 30 residuos aminoácidos de longitud. El siguiente patrón describe el dedo de zinc *XCX (1-5)-C-X3-*X5-*X2-HX(3-6)-[H/C], donde X puede ser cualquier aminoácido, y los números entre paréntesis indican el número de residuos. Las posiciones marcadas con * son aquellas que son importantes para el plegamiento estable de los dedos de zinc. La posición final puede ser ya sea his o cys, sin dejar de ser un dominio del dedo de zinc C2H2. En vista de las recientes publicaciones sobre el diseño de los dominios de dedos de zinc se hace factible también reemplazar uno o más de los aminoácidos Cys o His, reteniendo aún la funcionalidad original del dominio C2H2. Los residuos que separan el segundo Cys y el primer His son principalmente polares y básicos. El dedo de zinc canónico C2H2 se compone de dos cadenas beta cortas seguidas por una hélice alfa. El enlazamiento del ADN del motivo del dedo de zinc está mediado por una parte amino terminal de la hélice alfa que se une al surco mayor en los dedos de zinc

para enlazamiento del ADN. Se ha mostrado que los dominios C2H2 interactúan con ARN, ADN y las proteínas. La tetracoordinación de un ion de Zinc por los residuos conservados de cisteína e histidina determina la estructura terciaria conservada del motivo. Los residuos hidrófobos conservados se encuentran comúnmente en las posiciones -2 y también 4 aminoácidos después de la segunda cisteína (que participa en enlazamiento del zinc) y en la posición tres antes de la primera histidina (que participa en el enlazamiento del zinc). En una planta, múltiples proteínas con dedos de zinc, espaciadas entre los dominios C2H2 son generalmente aproximadamente de 15 hasta aproximadamente 65 aminoácidos.

Por lo tanto, las proteínas con dedos de zinc de plantas se caracterizan por espaciadores largos de diversas longitudes entre dedos adyacentes. Además, se caracterizan por una secuencia altamente conservada de seis aminoácidos, localizada dentro de una superficie que hace contacto con ADN putativo de cada dedo. Dos formas de tales secuencias conservadas son más comúnmente encontradas en los dedos de zinc C2H2 de una planta, el QALGGH (SEQ ID NO 5) y el NNM / WQMH (SEQ ID NO 6). A pesar de la alta conservación de la secuencia del QALGGH, algunas variantes del así llamado "tipo modificado" se presentan en la naturaleza, donde uno o dos aminoácidos pueden tener una forma diferente, más típicamente +1 "Q" puede ser un "G", "K" o "R" (estos aminoácidos comparten la misma característica a la vez), el +2 "A" puede ser "S" (los cuales comparten la característica de ser aminoácidos pequeños) o el +3 "L" puede ser "F" (estos dos aminoácidos son ambos hidrófobos). El motivo QALGGH como se lo utiliza aquí incluye todas estas variantes. En el motivo NNM/WQMH en la posición 3 existe principalmente una "M" o una "W".

Por lo tanto, la presente invención proporciona un método como el descrito aquí anteriormente, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 incluye un motivo QALGGH. Además, la presente invención proporciona tal como se describió aquí anteriormente, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 incluye un motivo NNM/WQMH.

De acuerdo con una modalidad de la invención, ambos dominios C2H2 son del mismo tipo. Más preferiblemente, ambos dominios de los dedos de zinc C2H2 tienen el mismo motivo GALGGH o NNM WQMH conservado. De acuerdo con otra modalidad, cada dominio del dedo de zinc C2H2 tiene un motivo conservado diferente.

De acuerdo con una modalidad, la proteína 2xC2H2 útil en los métodos de la presente invención se caracteriza por un motivo EAR, que es un motivo de represión anfífilica Asociada con ERF. Este motivo ha sido reconocido en dos tipos no relacionados de factores de transcripción, es decir, los factores de transcripción del ERF del tipo AP2 y en los factores de transcripción del dedo de zinc. En la última clase, el motivo de EAR generalmente se encuentra localizado en el terminal C de la proteína. El patrón del motivo de EAR tiene la secuencia conservada hDLNh(X)P (SEQ ID NO 7), donde "h" es un residuo hidrófobo (cualquiera de A, C, F, G, H, I, K, L, M, R, TN, W, Y), más típicamente L/F/I, y donde "X" puede ser uno (cualquier aminoácido) o ningún aminoácido. Un rasgo característico del motivo de EAR es la alternancia de los residuos hidrofílicos e hidrófobos siendo el residuo de ácido aspártico (D) anfífilico. Ohta et al. (The plant cell, de 2001, 13, páginas 1959 - 1968), que es citado aquí como referencia, caracterizó previamente motivos de EAR presentes en proteínas con dedos de zinc 2xC2H2.

Por lo tanto, la presente invención proporciona un método como se describió aquí anteriormente, en donde la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 incluye un motivo de EAR. De acuerdo con una modalidad, el motivo de EAR se localiza en la región del terminal C de la proteína, preferiblemente entre el segundo dominio del dedo de zinc y el terminal C.

De acuerdo con una modalidad adicional, las proteínas con dedos de zinc usadas en los métodos de la presente invención tienen dos dominios de dedo de zinc y una señal de localización nuclear (caja B). Un grupo de aminoácidos básicos que se asemeja a la caja B (caja Básica) fueron descritos por Chua et al. (EMBO 1992 - 11, 241 - 9) y se lanzó la hipótesis de que es una señal de localización nuclear de la proteína. Estos han sido reconocidos en proteínas 2xC2H2 (Sakamoto et al., Gene 248 (2000) 23 - 32). El grupo es rico en residuos de Lisina (K) y Arginina (R). Una secuencia de consenso que define la forma más frecuente de la caja B en genes para 2xC2H2 es KR(S)KRXR (SEQ ID NO 8), donde "S" en la 3ª posición puede estar ausente o presente. Sin embargo, pueden presentarse otras variantes en la naturaleza que aún retienen la característica de ser una región cargada rica en aminoácidos básicos. La ubicación de la caja básica está más frecuente en el terminal N de la proteína, pero también puede presentarse en otros lugares. Se ha especulado que debido a su naturaleza básica, la B-box podría participar también en el enlazamiento de ADN.

En consecuencia, la presente invención proporciona un método como el descrito aquí anteriormente, en donde la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 comprende además una caja B. De acuerdo con una modalidad la caja B se encuentra en la región del terminal N de la proteína con dedos de zinc. Preferiblemente las proteínas útiles en los métodos de la presente invención tienen una caja B localizada entre el terminal N y el primer dominio del dedo de zinc.

De acuerdo con una modalidad adicional, las proteínas con dedos de zinc útiles en los métodos de la presente invención tienen dos dominios del dedo de zinc C2H2 y una caja L. Un motivo conservado, llamado caja L, de una función aún desconocida ha sido identificado en proteínas 2xC2H2 y ha sido descrito anteriormente por Sakamoto et

al. (Gene 248 (2000) 23 - 32). La caja en L se encuentra típicamente en el terminal N, entre la caja B y el primer dedo de zinc C2H2. La caja L está representada por la secuencia EXEXXAXCLXXL (SEQ ID NO 9). Esta región puede estar implicada en las interacciones proteína - proteína. Las proteínas con dedos de zinc que carecen de la caja L, por ejemplo, puede tener regiones ricas en serina en una posición similar, cuyas regiones son sitios putativos para interacciones proteína - proteína.

Por lo tanto, la presente invención proporciona un método como el descrito aquí anteriormente, en donde la proteína 2xC2H2 incluye una caja L.

Homólogos particulares del dedo de zinc útiles en los métodos como los descritos aquí tienen uno o más de los motivos conservados como se muestra en las SEQ ID NO 5, 6, 7, 8 y 9, o motivos que son 80% idénticos a esos motivos o motivos que tienen sustituciones conservadas de aminoácidos. La proteína 2xC2H2 como la expuesta en la SEQ ID NO 2 incluye todas las cajas como las expuestas en las SEQ ID NO 5, 7, 8 y 9. Todos sus parálogos y ortólogos también incluyen todas estas cajas.

Homólogos de una proteína 2xC2H2 como la presentada en la SEQ ID NO 2 y aislados de *Arabidopsis thaliana*, que son útiles en las construcciones y los métodos como los descritos aquí son también identificados en otras especies vegetales.

Dos formas especiales de homólogos, ortólogos y parálogos, son conceptos evolutivos utilizados para describir las relaciones ancestrales de los genes. El término "parálogo" se relaciona con una duplicación de un gen dentro del genoma de una especie que conduce a genes parálogos. El término "ortólogo" se relaciona con un gen homólogo en diferentes organismos, debido a la relación ancestral. El término "homólogo", como se usa aquí también abarca parálogos y ortólogos de las proteínas útiles en los métodos como se describe aquí.

Otólogos en otras especies vegetales se pueden encontrar fácilmente realizando una búsqueda llamada *blast* recíproca. Los genes ortólogos se pueden identificar mediante la consulta de una o más bases de datos de genes con un gen de consulta o proteína de interés (SEQ ID NO 1 ó 2), utilizando por ejemplo el programa BLAST. Los genes objetivo de mayor rango son luego sometidos a un análisis por BLAST, y únicamente aquellos genes objetivo que coincidan de nuevo con la secuencia de la consulta (SEQ ID NO 1 ó 2) son retenidos como verdaderos genes ortólogos. Por ejemplo, para encontrar un ortólogo de arroz de un gen de *Arabidopsis thaliana*, se puede realizar un análisis por TBLASTX o BLASTN sobre una base de datos de arroz, tal como (pero sin limitarse a) la base de datos de la variedad *Nipponbare* de *Oryza sativa* disponible en el sitio web de NCBI (<http://.ncbi.nlm.nih.gov>) o las secuencias genómicas de arroz (variedades cultivadas india o japonesa). En un siguiente paso, se utilizan las secuencias de arroz obtenidas en un análisis por BLAST inversa utilizando una base de datos de *Arabidopsis*. Los resultados pueden ser refinados aún más cuando las secuencias resultantes se analizan con ClustalW y se visualizan en un árbol filogenético del vecino más cercano. El método puede ser utilizado para identificar ortólogos de muchas especies diferentes.

Los homólogos más cercanos en otras especies (ortólogos de la proteína de la SEQ ID NO 2), incluyen a aquellos de una variedad de plantas dicotiledóneas y monocotiledóneas, por ejemplo, de *Datisca glomerata* (AF119050_1, AAD26942, SEQ ID NO 10 y 11), de soja (T09602, SCOF-1, SEQ ID NO 12 y 13), *Medicago sativa* (CAB77055.1, SEQ ID NO 14 y 15), de tabaco (T01985, SEQ ID NO 16 y 17) de arroz, (AF332876, AAK01713.1 , SEQ ID NO 18 y 19), de petunia (BAA05079.1, SEQ ID NO 20 y 21), de trigo (S39045 y BAA03901, WZF1, SEQ ID NO 22 y 23), de *Capsicum annum* (SEQ ID NO 24 y 25), de nabo (T14408, T14409) y de caña de azúcar (CA279020).

Los homólogos más cercanos de la misma especie (parálogos de la proteína de la SEQ ID NO 2 de *Arabidopsis thaliana*) se describen a continuación.

La base de datos MIPS contiene la secuencia del genoma de *Arabidopsis thaliana* con la predicción y anotación funcional de las proteínas codificadas. La búsqueda en esta base de datos con el gen de STZ de la SEQ ID NO 1 (número de acceso en MIPS, At1g27730), mostró que en el genoma de *Arabidopsis* hay dos genes que codifican homólogos muy cercanos de la SEQ ID NO 2, At5g43170 (NM_23683, SEQ ID NO 32 y 33) y At5g04340 (NM_20516 SEQ ID NO 28 y 29), y otros 3 con gran similitud: At3g19580 (NM_112848, SEQ ID NO) 26 y 27, At5g67450 (NMJ26145, SEQ ID NO 34 y 35) y At3g49930 (NM_114853, SEQ ID NO 30 - 31). Estos genes se distribuyen sobre 3 cromosomas 1, 3 y 5. Del mismo modo, una cantidad de parálogos del ortólogo en Petunia han sido aislados y secuenciados. Ventajosamente, se pueden utilizar parálogos de la misma especie en métodos como los descritos aquí.

Además, una cantidad de miembros de la familia de la proteína STZ de la SEQ ID NO 2 han sido encontrados en *Arabidopsis*. El gen y la proteína STZ de la SEQ ID NO 1 y 2 han sido publicados previamente en la base de datos con el número de acceso At1g27730 de MIPS o en el GenBank con los números de acceso NP_174094.1, X95573 o CAA64820. Adicionalmente, varios otros ADNc, aislados de otros tejidos o en diferentes etapas de desarrollo de *Arabidopsis* han sido reportados y codifican la misma proteína que aquella de la SEQ ID NO 2. Tales secuencias fueron depositadas con el número de acceso del GenBank AY034998, NM_102538, AC12375, X95573, AY063006, X98671, X98670, o AF250336. Estos aislados ilustran la expresión diferencial del gen STZ en los diferentes tejidos

vegetales en diferentes etapas de desarrollo. La regulación diferencial de estos ADNc diferentes se refleja por medio de las diferencias en sus regiones 5'UTR y 3'UTR, mientras que la proteína codificada sigue siendo la misma. Ventajosamente, los miembros de la misma familia de genes como la SEQ ID NO 1 o los miembros de la misma familia de cualquiera de los ortólogos de la SEQ ID NO 1, pueden ser utilizados en los métodos como se describe aquí.

Otros homólogos cercanos útiles en los métodos como se describe aquí son las secuencias depositadas en la base de datos pública bajo los números de acceso siguientes, cuyas secuencias se incorporan aquí como referencia: homólogos aislado de *Petunia*: BAA21923.1, BAA21922.1, BAA21926.1, BAA21925.1, BAA19110.1, BAA19926.1, BAA21924.1, BAA19111.1, BAA21921.1, BAA19114.1, BAA05076.1, BAA05079.1, CAA43111.1, BAA21920.1, BAA21919.1, BAA05077 0.1, BAA05078.1, BAA20137.1; homólogos aislados de *Arabidopsis*: CAA67229.1, BAC43454.1, NP_96.054.1, AAM67193.1, NP_99.131.1, NP_188592.1, NP_201546.1, NPJ90562.1, NP_182037.1, BAC43008.1, Q8VWG3, CAC86393.1, CAC86168.1, CAC86167.1, CAC86166.1, CAB67667.1, CAC01747.1, CAB90936.1, CAB90935.1, CAB80245.1, CAB41188.1, CAA18741.1, CAA67234.1, CAA67236.1, CAA67231.1, CAA67230.1, CAA67228.1, CAA67235.1, CAA67233.1, CAA67232.1, CAA67229.1, CAA64820.1 y homólogos aislado de arroz: BAB16855.1, AAO06972 0.1, CAC09475.1, BAB63718.1, P0683F02.21, BAB67885.1, P0031D11.19, BAB64114.1, AAK01713.1, AF332876, AAL76091.1, BAB67879.1, **P0031D11.12** y BAC15513.1.

Se puede construir un árbol filogenético con todos los homólogos, parálogos y ortólogos como los definidos aquí anteriormente. Pueden hacerse múltiples alineaciones utilizando ClustalW presente en el programa VNTi (versión 5.0) por ejemplo con penalización por apertura de brecha de 10 y de 5 por extensión de la brecha. Para hacer un árbol filogenético se puede utilizar el paquete de software Phylic disponible en <http://evolution.genetics.washington.edu/phvHp.html>. Las secuencias que se agrupan en torno a la SEQ ID NO 1 o a la SEQ ID NO 2, identifican genes o proteínas adecuadas para su uso en los métodos como se describe aquí.

La secuencia de la SEQ ID NO 2 y su ortólogo de arroz AF332876 (SEQ ID NO 19) tienen 36% de identidad de secuencia cuando se utiliza el programa de Needle con los parámetros de penalización de 5 por brecha y de 6 por extensión de brecha. Por lo tanto, homólogos particularmente útiles en los métodos como se describe aquí son homólogos que tienen 36% o más de identidad de secuencia con la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 tal como la presentada en la SEQ ID NO 2 o tienen 36% o más de identidad de secuencia con el ortólogo más cercano de la SEQ ID NO 2 de otras especies.

Los homólogos preferidos útiles en la práctica de los métodos como se describe aquí son homólogos de plantas, es decir, proteínas obtenidas a partir de un ácido nucleico de la planta. Más preferentemente, la secuencia de ácido nucleico es de una dicotiledónea, más preferiblemente de la familia *Brassicaceae*, aún más preferiblemente de *Arabidopsis thaliana*.

Preferiblemente, la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 útil en los métodos como se describe aquí pertenece a la misma familia de genes que la proteína con dedos de zinc de tolerancia al sal (STZ) de *Arabidopsis thaliana*, o es un homólogos de los mismos. El nombre ZAT10 también puede ser utilizado para identificar la proteína con dedos de zinc STZ de *Arabidopsis thaliana*.

Otra variante de una proteína con dedos de zinc útil en los métodos como se describe aquí es una variante de sustitución. El término "variantes de sustitución" de una proteína se refiere a aquellas variantes en las que al menos un residuo en una secuencia de aminoácidos ha sido removido y se ha insertado en su lugar un residuo diferente. Las sustituciones de aminoácidos son típicamente de residuos individuales, pero pueden agruparse dependiendo de las restricciones Funcionales colocadas sobre el polipéptido; las inserciones suele ser usualmente del orden de aproximadamente 1 - 10 residuos de aminoácidos, y las supresiones estarán en el rango de aproximadamente 10 - 20 residuos. Preferentemente, las sustituciones de aminoácidos comprenden sustituciones conservadoras de aminoácidos. Variantes de sustitución particulares de la proteína con dedos zinc C2H2 son variantes de sustitución en las que se reemplazan uno o más de los residuos conservados de Cys y/o His, pero manteniendo la misma funcionalidad del dedo de zinc. Para conservar la misma funcionalidad, pueden sustituirse también los residuos alrededor de estos residuos conservados de Cys o de His.

"Variantes en la inserción" de una proteína son aquellos en los que se introducen uno o más residuos de aminoácidos en un sitio predeterminado en dicha proteína. Las inserciones pueden incluir fusiones en el terminal amino y/o en el terminal carboxi, así como inserciones dentro de la secuencia de múltiples aminoácidos o aminoácidos individuales. En general, las inserciones en la secuencia de aminoácidos serán menores que las fusiones en el terminal amino o carboxi, del orden aproximadamente de 1 a 10 residuos. Los ejemplos de proteínas o péptidos de fusión en el terminal amino o carboxi incluyen al dominio de enlazamiento o al dominio de activación de un activador transcripcional como el utilizado en el sistema híbrido doble de levadura, las proteínas de recubrimiento del fago, etiqueta de (histidina)₆, etiqueta de glutatona S-transferasa, proteína A, proteína de enlazamiento de maltosa, dihidrofolato reductasa, epítipo Tag.100, epítipo c-myc, epítipo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de enlazamiento de calmodulina), epítipo de HA, epítipo de proteína C y epítipo del VSV.

Las "variantes de supresión" de una proteína se caracteriza por la remoción de uno o más aminoácidos de la proteína. Se pueden elaborar muy fácilmente variantes de aminoácidos de una proteína utilizando técnicas de síntesis de péptidos bien conocidas en el arte, tales como la síntesis de péptidos en fase sólida y similares, o por medio de manipulaciones de ADN recombinante. Los métodos para la manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o supresión de una proteína son bien conocidos en el arte. Por ejemplo, las técnicas para realizar mutaciones de sustitución en sitios predeterminados en el ADN son bien conocidas por aquellos capacitados en el arte e incluyen mutagénesis M13, mutagénesis *in vitro* del Gen T7 (USB, Cleveland, OH), mutagénesis Dirigida al Sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagénesis dirigida al sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagénesis dirigida al sitio.

El término "derivados" se refiere a péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que pueden incluir sustituciones, supresiones o adiciones de residuos de aminoácidos de origen natural y no natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de una forma de origen natural de la proteína 2xC2H2 como por ejemplo la proteína con dedos de zinc 2xC2H2 tal como se presenta en la SEQ ID NO 2. Los "derivados" de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que pueden incluir residuos de aminoácidos de origen natural alterados, glicosilados, acilados o de origen no natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de una forma de origen natural del polipéptido. Un derivado también puede incluir uno o más sustituyentes que no son aminoácidos en comparación con la secuencia de aminoácidos a partir de la cual se deriva, por ejemplo, una molécula reportera u otro ligando, enlazado en forma covalente o no covalente con la secuencia de aminoácidos, tales como, por ejemplo, una molécula reportera que está enlazada para facilitar su detección, y residuos de aminoácidos de origen no natural con respecto a la secuencia de aminoácidos de una proteína de origen natural.

Otra variante de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 útil en los métodos como se describe aquí es un fragmento activo de una proteína con dedos de zinc. Los "fragmentos activos" de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 abarcan por lo menos cinco residuos contiguos de aminoácidos de una proteína, los cuales retienen actividad biológica y/o funcional similar con la proteína de origen natural. Por ejemplo, fragmentos útiles incluyen al menos 10 residuos contiguos de aminoácidos de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Otros fragmentos preferidos son fragmentos de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 que parten del segundo o del tercero o posteriores residuos internos de metionina. Estos fragmentos se originan a partir de la traducción de la proteína, a partir de codones ATG internos. Los fragmentos funcionales de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 útiles en la realización de los métodos como se describe aquí pueden tener uno, dos o ninguno de los dominios C2H2, sin afectar su funcionalidad en los métodos como se describe aquí.

De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, está previsto un aumento o una mejora de la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Los métodos para la obtención de un aumento o una mejora de la expresión de los genes o de los productos génicos están bien documentados en el arte e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión provocada por un promotor fuerte, el uso de potenciadores de la transcripción o potenciadores de la traducción. El término sobreexpresión como se lo utiliza aquí significa cualquier forma de expresión que sea adicional al nivel de la expresión original de tipo silvestre. Preferiblemente, el ácido nucleico que se introduce en la planta y/o el ácido nucleico que se sobreexpresa en la planta es en la dirección sentido con respecto al promotor con el cual está operativamente enlazado. Preferiblemente, la secuencia de ácido nucleico representada por SED ID NO 1 se sobreexpresa en una planta. Sin embargo, debe quedar claro que la aplicabilidad de la invención no se limita al uso del ácido nucleico representado por la SEQ ID NO 1, ni a la secuencia de ácido nucleico que codifica la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO 2, pero que otras secuencias de ácido nucleico que codifican homólogos, derivados o fragmentos activos de la SEQ ID NO 1 o la SEQ ID NO 2 pueden ser útiles en los métodos de la presente invención. Los ejemplos de ácidos nucleicos o proteínas se proporcionan en la SEQ ID NO 10 a la SEQ ID NO 50.

Alternativamente y/o adicionalmente, se puede lograr una mayor expresión de un gen que codifica 2xC2H2 o un mayor nivel y/o actividad de una proteína 2xC2H2 por medio de mutagénesis. Por ejemplo, estas mutaciones pueden ser responsables por el control alterado del gen para 2xC2H2, que resulta en una mayor expresión del gen, en relación con el gen de tipo silvestre. Las mutaciones también pueden provocar cambios en la conformación de una proteína, dando como resultado una mayor actividad y/o niveles más altos de la proteína 2xC2H2.

La modificación de la expresión génica (ya sea por medio de un enfoque directo o indirecto) abarca niveles de transcripción alterados de un gen. Los niveles de transcripción alterados pueden ser suficientes para inducir ciertos efectos fenotípicos, por ejemplo a través del mecanismo de cosupresión. Aquí, el efecto general de la introducción de un transgén es que hay menos actividad en la célula de la proteína codificada por un gen nativo que tiene homología con el transgén introducido. Por lo tanto, la especificación describe un método para modificar las características de crecimiento en una planta, que comprende la disminución de la expresión de un gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 o disminuir el nivel y/o la actividad de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Los ejemplos de disminución de la expresión, el nivel y/o la actividad de una proteína en una célula están bien documentados en el arte e incluyen, por ejemplo, reducción de la expresión por medio de técnicas antisentido, técnicas de ARNi, los ARN de interferencia pequeña (los ARNs) y microARN (miARN).

Otro método para disminución de la expresión génica o el silenciamiento de genes comprende el uso de ribozimas, por ejemplo como se describe en Atkins et al. 1994 (WO 94/00012), Lenee et al. 1995 (WO 95/03404), Lutziger et al. 2000 (WO 00/00619), Prinsen et al. 1997 (WO 97/3865) y Scott et al. 1997 (WO 97/38116).

5 El silenciamiento de genes también se puede lograr mediante mutagénesis de inserción (por ejemplo, inserción de T-ADN o inserción del transposón) o por medio de estrategias de silenciamiento génico como lo describen, entre otros, Angell y Baulcombe 1998 (WO 98/36083), Lowe et al. 1989 (WO 98/53083), Lederer et al. 1999 (WO 99/15682) o Wang et al. 1999 (WO 99/53050).

10 La expresión de un gen endógeno también puede ser reducida si contiene una mutación. Tal mutación, o tal gen mutante puede ser aislado e introducido en la misma o en diferente especie vegetal con el fin de obtener plantas que tengan características de crecimiento modificadas. Los ejemplos de tales mutantes son mutantes dominantes negativos de un gen para el dedo de zinc 2xC2H2.

15 Las construcciones genéticas destinadas a silenciar la expresión del gen puede incluir al ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2, por ejemplo, como el representado por la SEQ ID NO 1 (o una o más porciones de la misma o una secuencia capaz de hibridar con la misma), en una orientación sentido y/o antisentido con relación a la secuencia promotora. Las copias sentido o antisentido de al menos una parte del gen endógeno en la forma de repeticiones directas o invertidas pueden ser utilizadas también en los métodos como se describe aquí. Las características del crecimiento de las plantas también pueden ser modificadas por medio de la introducción en una planta de al menos parte de una versión antisentido de la secuencia de nucleótidos representada por la SEQ ID NO 1.

20 La especificación también describe, las construcciones genéticas y vectores para facilitar la introducción y/o para facilitar la expresión de las secuencias de nucleótidos para el dedo de zinc 2xC2H2 útiles en métodos como los descritos aquí. Por lo tanto, se describe una construcción que comprende:

25 (i) un ácido nucleico capaz de modificar la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 y/o modificar el nivel y/o la actividad de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2;
 (ii) una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (i); y, opcionalmente,
 (iii) una secuencia de terminación de la transcripción.

30 Las construcciones útiles en métodos como los descritos aquí pueden ser construidas utilizando tecnología de ADN recombinante bien conocida por las personas capacitadas en el arte. Las construcciones génicas puede ser insertadas en vectores, que pueden estar disponibles en el mercado, adecuadas para transformación en plantas y adecuadas para la expresión del gen de interés en las células transformadas. Preferiblemente, la construcción genética es un vector de expresión de la planta.

35 El ácido nucleico de acuerdo con (i) es convenientemente cualquiera de los ácidos nucleicos descritos anteriormente aquí. Un ácido nucleico preferido es el ácido nucleico representado por la SEQ ID NO 1 o una variante del mismo como se definió aquí anteriormente, o es una secuencia de ácido nucleico que codifica una secuencia representada por la SEQ ID NO 2 o una variante como se definió aquí anteriormente. Por ejemplo, tales variantes codifican una proteína como la presentada en cualquiera de las SEQ ID NO 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 42, 44, 46, 48 y 50.

40 Los términos "elemento regulador" y "secuencia de control" se utilizan indistintamente en este documento y deben ser tomadas en un contexto amplio para referirse a ácidos nucleicos reguladores capaces de efectuar la expresión de las secuencias a las que están operativamente enlazadas. Abarcados por los términos anteriormente mencionados están los promotores. Un "promotor" abarca secuencias reguladoras de la transcripción derivadas de un gen genómico clásica eucariota clásico (incluida la caja TATA, que se requiere para la iniciación en forma precisa de la transcripción, con o sin una secuencia de caja CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir,
 45 secuencias de activación secuencia arriba, reforzadores y silenciadores) que alteran la expresión génica en respuesta a los estímulos externos y/o de desarrollo, o en una forma específica del tejido. También se incluyen dentro del término una secuencia de regulación transcripcional de un gen procarionta clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladoras de la transcripción de caja -10. El término "elemento regulador" también abarca una molécula de fusión sintética o derivada que confiere, activa o refuerza la expresión
 50 de una molécula de ácido nucleico en una célula, tejido u órgano. El término "operativamente enlazado" como se usa aquí se refiere a un enlace funcional entre la secuencia del promotor y el gen de interés, de tal manera que la secuencia del promotor sea capaz de iniciar la transcripción del gen de interés. Preferiblemente, el gen de interés está operativamente enlazado a un promotor en una dirección sentido.

55 Ventajosamente, cualquier tipo de promotor puede ser utilizado para dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico dependiendo del resultado deseado.

Los promotores útiles en la presente especificación se describen en el documento EP 03075331.3, cuyos promotores y secuencias se incorporan aquí como referencia.

5 Otros ejemplos de promotores preferidos son presentados en la Tabla I (a) hasta (c), cuyos promotores o sus derivados son útiles en los métodos y/o en la elaboración de las construcciones como se describe aquí. En consecuencia, las construcciones genéticas que incluyen los ácidos nucleicos de (i), por ejemplo, un ácido nucleico para 2xC2H2, y al menos parte de un promotor de la Tabla 1 (a) hasta (c) o de EP 03075331.3, preferentemente, en en donde dichas partes están operativamente enlazadas, son como se describe aquí.

10 De acuerdo con una modalidad, el ácido nucleico de (i) está operativamente enlazado a un promotor constitutivo. El término "constitutivo" como se define aquí se refiere a un promotor que se expresa sustancialmente en forma continua. Además, preferiblemente el promotor constituyente es un promotor ubicuo, que se expresa en más de uno, preferentemente en la mayoría o en casi todos los tejidos de la planta. Preferiblemente, el promotor constitutivo para ser utilizado en los métodos de la presente invención, o clonado en las construcciones genéticas como se describe aquí, es un promotor de la planta, preferiblemente un promotor constitutivo, tal como un promotor GOS2 o un promotor con un patrón de expresión similar y/o de resistencia similar. Preferentemente se utilizan promotores de plantas derivados de un ácido nucleico de la planta. Por otra parte, se utilizan los promotores que pueden operar en la planta, tales como los promotores derivados de patógenos de las plantas.

20 De acuerdo con otra modalidad de la invención, el ácido nucleico de (i) está operativamente enlazado a un promotor de la planta, preferiblemente un promotor preferido del tejido. El término "preferido del tejido", como se usa aquí, se refiere a un promotor que se expresa predominantemente en al menos un tejido u órgano. Por ejemplo, el promotor preferido del tejido es un promotor preferido de la semilla, tal como un pWS18 (Joshee et al Plant Cell Physiol 1998 Jan;.. 39 (1): 64 - 72) o un promotor de resistencia similar y/o con un patrón de expresión similar.

25 Los promotores con resistencia similar y/o con un patrón de expresión similar se pueden encontrar mediante el acoplamiento del promotor con un gen reportero y comprobar la función del gen reportero en diferentes tejidos de una planta. Un gen reportero adecuado es beta-glucuronidasa y la tinción GUS colorimétrica para visualizar la actividad de la beta-glucuronidasa en un tejido de la planta es bien conocida por una persona capacitada en el arte.

Tabla I (a): promotores preferidos de la flor útiles en la presente invención. Las secuencias de estos promotores se describen en la referencia citada, cuyas secuencias se incorporan aquí como referencia.

Gen	Expresión	Referencia
AtPRP4	flores	http://salus.medium.edu/mmg/tiemey/html
chalcona sintasa (chsA)	flores	Van der Meer, et al., Plant Mol. Biol. 15, 95 - 109, 1990
LAT52	antera	Twel et al., Mol. Gen Genet. 217: 240 - 245 (1989)
<i>apetala-3</i>	flores	

30

Tabla I (b): promotores preferidos de la semilla útiles en la presente invención. Las secuencias de estos promotores se describen en la referencia citada, cuyas secuencias se incorporan aquí como referencia.

Gen	Expresión	Referencia
genes específicos de la semilla	semilla	Simon, et al., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985; Scofield, et al., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987.; Baszczyński, et al., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990.
Albúmina de nuez del Brasil	semilla	Pearson, et al., Plant Mol. Biol. 18: 235 - 245, 1992.
legúmina	semilla	Ellis, et al., Plant Mol. Biol. 10: 203 - 214, 1988.
glutelina (arroz)	semilla	Takaiwa, et al., Mol. Gen. Genet. 208: 15 - 22, 1986; Takaiwa, et al., FEBS Letts. 221: 43 - 47, 1987.
zeína	semilla	Matzke et al Plant Mol Biol, 14(3): 323 - 32 1990
napA	semilla	Stalberg, et al, Planta 199: 515 - 519, 1996.
glutenina-1 de trigo de HMW y LMW	endospermo	Mol Gen Genet 216: 81 - 90, 1989; NAR 17: 461 - 2, 1989
SPA de trigo	semilla	Albani et al, Plant Cell, 9: 171 - 184, 1997
α , β , γ -gliadinas de trigo	endospermo	EMBO 3: 1409 - 15, 1984
promotor <i>ltr-1</i> de cebada	endospermo	
B1, C, D hordeína de cebada	endospermo	Theor Appl Gen 98: 1253 - 62, 1999; Plant J 4: 343 - 55, 1993; Mol Gen Genet 250: 750 - 60, 1996
DOF de cebada	endospermo	Mena et al, The Plant Journal, 116 (1): 53 - 62, 1998
<i>blz2</i>	endospermo	EP99106056.7
promotor sintético	endospermo	Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629 - 640, 1998.
prolamina NRP33 de arroz	endospermo	Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885 - 889, 1998
α -globulina G1b-1 de arroz	endospermo	Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885 - 889, 1998
OSH1 de arroz	embrión	Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117 - 8122, 1996
α -globulina REB/OHP-1 de arroz	endospermo	Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513 - 522, 1997
ADP-glucosa PP de arroz	endospermo	Trans Res 6: 157 - 68, 1997
familia del gen ESR de maíz	endospermo	Plant J 12: 235 - 46, 1997
γ -kafirina de sorgo	endospermo	PMB 32: 1029 - 35, 1996

(continuación)

Gen	Expresión	Referencia
KNOX	embrión	Postma-Haarsma et al, Plant Mol. Biol. 39: 257 - 71, 1999
oleosina de arroz	embrión y aleurona	Wu et al, J. Biochem., 123: 386, 1998
oleosina de girasol	semilla (embrión y semilla seca)	Cummins, et al., Plant Mol. Biol. 19: 873 - 876, 1992

5 Tabla I (c): promotores constitutivos útiles en la presente invención. Las secuencias de estos promotores se describen en la referencia citada, cuyas secuencias se incorporan aquí como referencia.

Gen	Expresión	Referencia
Actina	constitutiva	McElroy et al, Plant Cell, 2: 163 - 171, 1990
35S del CAMV	constitutiva	Odell et al, Nature, 313: 810 - 812, 1985
19S del CaMV	constitutiva	Nilsson et al., Physiol. Plant 100: 456 - 462, 1997
GOS2	constitutiva	de Pater et al, Plant J Nov;2(6): 837 - 44,1992
ubiquitina	constitutiva	Christensen et al, Plant Mol. Biol. 18: 675 - 689, 1992
ciclofilina de arroz	constitutiva	Buchholz et al, Plant Mol Biol. 25(5): 837 - 43, 1994
histona H3 de maíz	constitutiva	Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231: 276 - 285, 1992
actina 2	constitutiva	An et al, Plant J. 10(1); 107 - 121, 1996

10 Opcionalmente, una o más secuencias terminadoras también pueden ser utilizadas en la construcción de introducida en una planta. El término "terminadora" abarca una secuencia de control que es una secuencia de ADN en el extremo de una unidad transcripcional que señala el procesamiento y poliadenilación 3' de un transcrito primario y la germinación de la transcripción. Los elementos reguladores adicionales pueden incluir reforzadores transcripcionales, así como de la traducción. Aquellos capacitados en el arte se darán cuenta de las secuencias reforzadoras y de terminación que pueden ser adecuadas para ser usadas como se describe aquí. Tales secuencias serían conocidas o pueden ser fácilmente obtenidas por un experto en el arte.

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

20 La construcción genética puede comprender opcionalmente un gen marcador seleccionable. Tal como se usa aquí, el término "gen marcador seleccionable" incluye cualquier gen que confiera un fenotipo sobre una célula en la que se expresa para facilitar la identificación y/o la selección de células que son transfectadas o transformadas con una construcción genética de la invención. Los marcadores adecuados pueden ser seleccionados a partir de los marcadores que confieren resistencia a antibióticos o a herbicidas. Las células que contienen el ADN recombinante serán capaces por lo tanto de sobrevivir en presencia de concentraciones de antibióticos o de herbicidas que matan las células no transformadas. Los ejemplos de genes marcadores seleccionables incluyen genes que confieren resistencia a los antibióticos (tales como nptII que codifica la neomicina fosfotransferasa capaz de fosforilar la neomicina y la kanamicina, o hpt que codifica higromicina fosfotransferasa capaz de fosforilar higromicina), a los herbicidas (por ejemplo bar, que provee resistencia a Basta; aroA o gox que proporcionan resistencia contra el glifosato), o los genes que proporcionan una característica metabólica (tal como el manA que permite a las plantas utilizar la manosa como única fuente de carbono). Los genes marcadores visuales dan como resultado la formación de color (por ejemplo, beta-glucuronidasa, GUS), luminiscencia (tal como la luciferasa) o fluorescencia (Proteína Fluorescente Verde, GFP y sus derivados). Otros ejemplos de genes marcadores seleccionables adecuados

incluyen la resistencia a la ampicilina (Ampr), el gen de resistencia a la tetraciclina (Tcr), el gen de resistencia a la kanamicina bacteriana (Kanr), el gen de resistencia a la fosfotricina, y el gen de cloranfenicol acetiltransferasa (CAT), entre otros.

5 La especificación describe plantas que pueden ser obtenidas por métodos como los descritos aquí. La especificación describe plantas que pueden ser obtenidas por el método como se describe aquí, cuyas plantas tienen características de crecimiento modificadas las características de crecimiento, cuyas plantas han alterado el nivel y/o la actividad y/o una expresión alterada de proteína con dedos de zinc 2xC2H2 de una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2.

10 Por lo tanto, se describe aquí un método para la producción de plantas, que tiene características de crecimiento modificadas, que comprende la introducción, en una planta, de un ácido nucleico capaz de modificar la actividad de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 y/o capaz de modificar la expresión de un gen para el dedo de zinc 2xC2H2. Se provee un método para la producción de plantas transgénicas que tienen características de crecimiento modificadas, que comprende la introducción y expresión en una planta de un ácido nucleico para 2xC2H2.

15 Más específicamente, la presente invención proporciona un método para la producción de plantas transgénicas que tienen características de crecimiento modificadas, el cual comprende:

(i) la introducción en una célula vegetal o una planta de un ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2,

(iii) el cultivo de la célula de la planta en condiciones que promueven el crecimiento de la planta.

La característica de crecimiento puede ser cualquiera de las características definidas aquí más abajo.

20 El ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 puede incluir todas las variantes de ácidos nucleicos como se describe en este documento más arriba y puede incluir todos los ácidos nucleicos que codifican todas las variantes de proteínas como se describe aquí más arriba. El cultivo de células vegetales bajo condiciones que promuevan el crecimiento de la planta, puede o no incluir la regeneración y/o el crecimiento hasta madurez.

25 La proteína misma y/o el ácido nucleico mismo pueden ser introducidos directamente en una célula de la planta o en la propia planta (incluida la introducción en un tejido, órgano o cualquier otra parte de la planta). De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, se introduce preferiblemente el ácido nucleico en una planta por medio de transformación.

30 El término "transformación" como se lo utiliza en este documento abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno en una célula huésped, independientemente del método utilizado para la transferencia. El tejido de la planta capaz de propagación clonal posterior, ya sea por organogénesis o por embriogénesis, puede ser transformado con una construcción genética de la presente invención y regenerar una planta completa a partir de allí. El tejido particular elegido variará en función de los sistemas de propagación clonal disponibles, y más adecuados para, la especie particular que está siendo transformada. Los ejemplos de tejidos objetivo incluyen discos de hojas, polen, embriones, cotiledones, hipocotiledones, megagametofitos, tejido caloso, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristema apical, yemas axilares, y meristemas de la raíz), y tejido inducido de meristema (por ejemplo, meristema de cotiledón y meristema de hipocotiledón). El polinucleótido puede ser introducido en forma transitoria o estable en una célula huésped y puede ser mantenido en forma no integrada, por ejemplo, como un plásmido. Alternativamente, puede ser integrado en el genoma del huésped. Las células de la planta transformadas resultantes se pueden utilizar luego para regenerar una planta transformada en una forma conocida por las personas capacitadas en el arte.

40 La transformación de una especie vegetal es actualmente una técnica de rutina. Ventajosamente, cualquiera de los diferentes métodos de transformación pueden ser utilizados para introducir el ácido nucleico de interés (por ejemplo, el ácido nucleico para 2xC2H2) en una célula progenitora adecuada. Los métodos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, productos químicos que incrementen la absorción de ADN libre, inyección del ADN directamente en la planta, bombardeo con pistola de partículas, transformación utilizando virus o polen y microproyección. Los métodos pueden ser seleccionados a partir del método de calcio / polietilén glicol para protoplastos (Krens, F. A. et al, 1882, Nature 296, 72 - 74; Negrutiu I. et al, junio de 1987, Plant Mol Biol. 8, 363 - 373); electroporación de protoplastos (Shillito R. D. et al, 1985 Bio Technol 3, 1099 - 1102); microinyección en material vegetal (Crossway A. et al, 1986, Mol Gen Genet 202, 179 - 185); bombardeo de partículas recubiertas con ADN o ARN (Klein T. M. et al., 1987, Nature 327, 70); infección con virus (no integradores) y similares. Un método de transformación preferido es un método de transformación mediada por *Agrobacterium*.

50 Las plantas de arroz transgénicas que expresan un gen para 2xC2H2 se producen preferiblemente por medio de transformación mediada por *Agrobacterium* utilizando cualquiera de los métodos conocidos para transformación de arroz, tales como los descritos a continuación: solicitud de patente europea publicada EP 1198985 A1, Aldemita y

- 5 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), cuyas divulgaciones se incorporan aquí como referencia como si se las hubiera expuesto en su totalidad. En el caso de la transformación de maíz, el método preferido es como se describe ya sea en Ishida et al. (Nat. Biotechnol 1996 Jun; 14 (6): 745 - 50) o en Frame et al. (Plant Physiol, mayo 2002, 129 (1): 13 - 22), que cuyas divulgaciones se incorporan aquí como referencia como si se las hubiera expuesto en su totalidad.
- Por lo general después de la transformación, se seleccionan células de la planta o grupos de células por la presencia de uno o más marcadores que son codificados por los genes que pueden ser expresados por la planta transferidos conjuntamente con el gen de interés, después de lo cual se regenera el material transformado en una planta completa.
- 10 Después de la transferencia del ADN y la regeneración, las plantas supuestamente transformadas pueden ser evaluadas, por ejemplo, utilizando análisis tipo Southern, para detectar la presencia del gen de interés, el número de copias, y/o la organización genómica. Alternativa o adicionalmente, los niveles de expresión del ADN introducido recientemente pueden medirse mediante el análisis tipo Northern y/o Western, siendo ambas técnicas bien conocidas por las personas que tengan conocimientos en la materia.
- 15 Las plantas transformadas generadas pueden ser propagadas por una gran variedad de medios, tales como por medio de propagación clonal o de técnicas clásicas de fitomejoramiento. Por ejemplo, una primera generación (o T1) de plantas transformadas pueden ser autofecundadas para producir una segunda generación de homocigotos (o T2) transformantes, y las plantas de T2 propagadas adicionalmente a través de técnicas clásicas de fitomejoramiento.
- 20 Los organismos transformados generados pueden tomar una variedad de formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y de células no transformadas; transformantes clonales (por ejemplo, todas las células transformadas para contener el casete de expresión); injertos de tejidos transformados y no transformados (por ejemplo, en plantas, un rizoma transformado injertado a un vástago no transformado).
- 25 La presente especificación se extiende claramente a cualquier célula vegetal o planta producida por cualquiera de las especificaciones de los métodos descritos aquí, y a todas las partes de la planta y propágulos de las mismas. La presente invención se extiende adicionalmente para abarcar a la progenie de una célula, tejido, órgano o planta completa primer transformada o transfectada que ha sido producido(a) por cualquiera de los métodos antes mencionados, siendo el único requisito que la progenie exhiba la(s) misma(s) característica(s) genotípica(s) y/o fenotípica(s) como la(s) producida(s) en los padres por medio de métodos como los descritos aquí. La invención también describe células huésped que tienen expresión modificada y/o nivel y/o actividad de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Tales células huésped incluyen, por ejemplo, construcciones genéticas como se mencionó anteriormente. Las células huésped preferidas como las descritas aquí se derivan de una planta, alga, bacteria, hongo, levadura, insecto o animal. La invención también describe partes cosechables de una planta, tales como, pero sin limitarse a semillas, hojas, frutos, flores, pétalos, estambres, cultivos madre, tallos, rizomas, raíces, tubérculos, bulbos o fibras de algodón.
- 30
- 35 El término "planta" como se usa aquí, abarca plantas enteras, ancestros y descendientes de las plantas y partes de plantas, incluyendo semillas, brotes, tallos, raíces (incluidos tubérculos), y células vegetales, tejidos y órganos. El término "planta" incluye también cultivos en suspensión, embriones, regiones meristemáticas, tejido calloso, hojas, gametofitos, esporofitos, polen y microsporas. Las plantas que son especialmente útiles en los métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas, incluyendo, leguminosas forrajeras o forraje, 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*, *Burkes africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra spp.*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum spp.*, *Cassia spp.*, *Centroema pubescens*, *Chaenomeles spp.*, *Cinnamomum casia*, *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 amplexens*, *Dioclea spp.*, *Dolichos spp.*, *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehrtaria spp.*, *Eleusine coracana*, *Eragrestis spp.*, *Erythrina spp.*, *Eucalyptus spp.*, *Eucllea schimpen*, *Eulalia villosa*, *Fagopyrum spp.*, *Feijoa sellowiana*, *Fragaria spp.*, *Flemingia spp.*, *Freyinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *Ginkgo biloba*, *Glicine javanica*, *Gliciridia spp.*, *Gossypium hirsutum*, *Grevillea spp.*, *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum spp.*, *Hemarthia altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hyperthelia dissoluta*, *Indigo incarnata*, *Iris spp.*, *Leptarrhenia pyrolifolia*, *Lespediza 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*, *Pogonarthria fleckii*, *Pogonarthria squarrosa*, *Populus spp.*, *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus spp.*,

5 *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*, *Sorghum 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, espárrago, brócoli, col de Bruselas, repollo, colza, zanahoria, coliflor, apio, col rizada, lino, col rizada, lenteja, colza de semilla oleaginosa, okra, cebolla, patata, arroz, soja, paja, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, tomate, calabaza, y té, árboles y algas, entre otros. De acuerdo con una modalidad preferida de la presente invención, la planta es una planta de cultivo tal como soja, girasol, canola, alfalfa, colza, algodón, tomate, patata, o tabaco. De acuerdo con otra modalidad preferida de la presente invención, la planta es una planta monocotiledónea, tal como caña de azúcar, más preferiblemente un cereal, lo más preferible la planta se selecciona del grupo que consiste de arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno o avena.

15 En una modalidad particular de la presente invención, las proteínas de una especie de planta (por ejemplo, *Arabidopsis*) se introducen en otra especie de planta (por ejemplo arroz). Se ha demostrado en la presente invención que las características de crecimiento de una planta se mejoran por la introducción de un gen o proteína dedo de zinc 2xC2H2 o las proteínas de una dicotiledónea en una monocotiledónea.

Según una modalidad particular de la invención, se proveen métodos como los descritos anteriormente, en donde la planta es una monocotiledónea. Más preferiblemente, la planta es arroz o maíz.

20 Ventajosamente, el desempeño de métodos como los descritos aquí conduce a que las plantas tengan características de crecimiento mejoradas.

El término "característica de crecimiento" como se utiliza aquí, se refiere preferiblemente a cualquiera o más de, pero sin limitarse a, rendimiento, arquitectura y tiempo del ciclo.

25 El término "rendimiento" se refiere a la cantidad de material cosechado. Para plantas de cultivo rendimiento también significa la cantidad de material cosechado por acre de producción. Dependiendo del cultivo la parte cosechada de la planta puede ser una parte diferente o tejido de la planta, tal como semilla (por ejemplo, arroz, sorgo o maíz cuando se cultiva para semilla); la biomasa total por encima del suelo (por ejemplo, para maíz, cuando se utiliza como ensilaje), la raíz (por ejemplo, remolacha azucarera), el fruto (por ejemplo, tomate), las fibras de algodón, o cualquier otra parte de la planta que tenga valor económico. "Rendimiento" también abarca la estabilidad del rendimiento de las plantas, lo que significa que año tras año, se puede obtener el mismo rendimiento de la progenie de las plantas, sin demasiada interferencia de factores externos, tal como las condiciones meteorológicas. "Rendimiento" también incluye el potencial de rendimiento, como el máximo rendimiento que puede ser obtenido.

30 El rendimiento tal vez depende de una serie de componentes del rendimiento. Los parámetros para estos componentes son bien conocidos por una persona capacitada en el arte. Por ejemplo, los fitomejoradores son muy conscientes de los componentes específicos del rendimiento y de los correspondientes parámetros para el cultivo que ellos pretenden mejorar.

35 Por ejemplo, los componentes clave del rendimiento para el maíz incluyen el número de plantas por hectárea o acre, el número de mazorcas por planta, número de filas (de semillas) por mazorca, el número de granos por hilera, y el peso de mil granos. Para el ensilado del maíz los parámetros típicos son la biomasa por encima del suelo y el contenido energético.

40 Los componentes clave del rendimiento para el arroz incluyen el número de plantas por hectárea o acre, número de panículas por planta, número de espiguillas por panoja, la tasa de llenado de semillas (número de semillas llenas) y mil kernel de peso. Preferentemente métodos para aumentar el rendimiento de arroz abarcan mayor número de flores por panícula y un mayor número de semillas llenas. El parámetro de aumento en el número total de semillas puede estar relacionado con aumento del número de flores.

45 "Rendimiento" incluye además los componentes típicos de la biomasa, tales como las partes por encima del suelo de una planta y el sistema de raíces. Parámetros generales de la biomasa son el área y el peso seco. Los parámetros específicos para la biomasa por encima del suelo abarcan el área de terreno por encima del suelo y la altura de la planta. Los parámetros específicos para el sistema de la raíz abarcan la proporción de la raíz, la longitud de la raíz y la profundidad de penetración, la ramificación de las raíces, la densidad de vello de la raíz, la resistencia de la raíz a la tracción y la formación de aerénquima.

50 Las plantas de la presente invención se caracterizan por un mayor número de semillas llenas, un mayor peso total de la semilla, un mayor número total de semillas y un mayor índice de cosecha. Por lo tanto, los métodos de la presente invención son particularmente favorables para ser aplicados en cereales tales como el arroz y el maíz. Por lo tanto, una modalidad particular de la presente invención se relaciona con un método para aumentar el rendimiento del maíz, que comprende la modificación de la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2.

60 Las plantas de la presente invención se caracterizan por un aumento del peso de mil granos y por lo tanto se alteran el tamaño de la semilla o el volumen de la semillas y/o el contenido de semilla y/o la composición de la semilla por los métodos de la presente invención. Las semillas proporcionadas por los métodos de la presente invención pueden

tener más valor nutritivo, más almidón y/o más aceite, posiblemente debido a su mayor tamaño.

Las plantas de la presente invención se caracterizan por una mayor área por encima del suelo. Por lo tanto, los métodos de la presente invención son particularmente favorables para las cosechas cultivadas por su tejido verdes y/o cultivadas por su biomasa por encima del suelo. Los métodos de la presente invención son particularmente útiles para pastos, cultivos forrajeros (por ejemplo, maíz forrajero, trébol, Medicago, etc.), árboles, caña de azúcar, etc.

La mejora en el rendimiento como la obtenida por los métodos de la invención, se puede obtener como resultado de la mejora de uno o más de los componentes y/o parámetros del rendimiento antes mencionados.

El término "arquitectura" como se usa aquí abarca el aspecto o la morfología de una planta, incluyendo una o más de las características estructurales o una combinación de características estructurales de las mismas. Tales características estructurales incluyen la forma, tamaño, número, posición, textura, disposición, y el patrón de cualquier célula, tejido u órgano, o grupos de células, tejidos u órganos de una planta, incluyendo la raíz, hoja, brote, tallo, pecíolo, tricomas, flores, pétalos, estigma, estilo, estambre, polen, óvulos, semillas, embriones, endospermo, cubierta de la semilla, aleurona, fibra, cambium, madera, pulpa, parénquima, aerénquima, elemento de criba, el floema o tejido vascular, entre otros. Las características arquitectónicas particulares que pueden ser modificadas por los métodos de la presente invención son una mayor altura de la planta, un mayor número o tamaño de los tallos o troncos o macollos o panículas o pedículos, un mayor número o tamaño de las inflorescencias, mayor ramificación, por ejemplo, de borlas y espigas o características alteradas de la floración. Una de las características arquitectónicas preferidas que puede ser modificada por los métodos de la presente invención es la arquitectura de la hoja. El término "arquitectura de la hoja" como se usa aquí incluye las características típicas de la hoja tales como el largo, ancho, espesor, el número de células, el tamaño y verdor de las células.

Típicamente, las plantas de la presente invención muestran una mayor área foliar y/o aumento del ancho de la lámina de la hoja. Esta característica es especialmente importante ya que le permite a la planta optimizar la forma de sus hojas para maximizar el área utilizada para la fotosíntesis. A tal efecto, preferiblemente se amplía la lámina de la hoja, pero, alternativamente, las hojas son más largas o más pequeñas o más redondeadas. Estos efectos pueden dar lugar a plantas más saludables. Alternativamente, este rasgo atribuye propiedades estéticas a la planta, tales como hojas más verdes y más resistentes.

El "tiempo del ciclo" de la planta como se usa aquí, significa que el tiempo en el que una planta alcanza el 90% de su área total máxima. Este parámetro es una indicación de la duración del crecimiento vegetativo. Un crecimiento vegetativo prolongado fue observado únicamente en algunas de las plantas de acuerdo con la presente invención y puede ser controlado por medio de la escogencia del evento de transformación y/o por la escogencia del promotor que dirige al ácido nucleico para 2xC2H2. Por ejemplo, esta característica no se muestra cuando se utilizó un promotor preferido de la semilla.

Otras "características de crecimiento" que pueden ser mejoradas por los métodos de la presente invención son la tasa de crecimiento, el vigor inicial, el Tmid modificado, T90 o A42 o la curva de crecimiento alterado .

Es claro a partir de los datos presentados en los ejemplos que una o más de las características de crecimiento como se definió aquí anteriormente en este documento, se pueden combinar en una planta. Alternativamente, dependiendo del evento de transformación elegido y/o dependiendo del promotor utilizado, una o más de estas características de crecimiento pueden estar presentes o ausentes, o más o menos pronunciadas en la planta.

Los métodos de la presente invención también pueden utilizarse para conferir tolerancia al estrés a las plantas. En particular, un 2xC2H2 del tipo STZ se puede ser utilizado para conferirle a una planta tolerancia al estrés por salinidad y/o tolerancia a estrés por sequía. Un promotor preferido del tejido, tal como un "promotor preferido de la semilla" es utilizado en estos métodos.

La presente invención describe también el uso de una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc y homólogos, derivados y fragmentos activos de la misma en la modificación de las características de crecimiento de las plantas, de preferencia en el incremento del rendimiento, más preferiblemente el incremento en el rendimiento de semillas. La presente invención también describe el uso de una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 y homólogos, derivados y fragmentos activos de la misma, y a la proteína misma con dedos de zinc 2xC2H2 y homólogos, derivados y fragmentos activos de la misma como un regulador del crecimiento. Las secuencias representadas por la SEQ ID NO 1, y porciones de la misma y la SEQ ID NO 2, y homólogos, derivados y fragmentos activos de la misma que son útiles en la modificación de las características de crecimiento de las plantas, como se ha descrito. Las secuencias, por tanto, encontrarían uso como reguladoras del crecimiento, tales como herbicidas o estimuladores del crecimiento. También se describe una composición que contiene una proteína representada por la SEQ ID NO 2, o un homólogo, fragmento o derivado activo de la misma para su uso como un regulador del crecimiento. Se utiliza aquí un regulador del crecimiento en el sentido de un regulador que incrementa el rendimiento y por lo tanto también es denominado como un regulador del

rendimiento.

5 En particular, una composición que regula el rendimiento que comprende un ácido nucleico que codifica una proteína 2xC2H2, y/o que comprende una proteína 2xC2H2, y/o que comprende una construcción como se define aquí más arriba. Tal composición para regulación del rendimiento incluye además aditivos normalmente utilizados en composiciones para regular el rendimiento, tales como un disolvente o portador.

10 Por el contrario, las secuencias de acuerdo con la presente invención también pueden ser objetivos interesantes para compuestos agroquímicos, tales como herbicidas o estimuladores del crecimiento. En consecuencia, la presente invención describe el uso de un ácido nucleico que codifica una proteína 2xC2H2, de una proteína 2xC2H2 y/o de una construcción como la descrita aquí como objetivo para un producto agroquímico, tal como un herbicida o un estimulador del crecimiento. Los métodos de acuerdo con la presente invención también pueden ser practicados por medio de la expresión conjunta de un gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 en una planta con al menos otro gen que colabora con el gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2. Tal gen puede ser un gen que codifica una proteína objetivo de la proteína con dedos de zinc 2xC2H2. La expresión conjunta puede llevarse a cabo mediante la clonación de los genes bajo el control de un promotor expresable de una planta en un vector expresable de una planta e introduciendo el(los) vector(es) de expresión en una célula vegetal utilizando la transformación de la planta mediada por *Agrobacterium*. Por lo tanto, los métodos de acuerdo con la presente invención, pueden dar lugar a plantas que tienen características de crecimiento modificadas, particularmente un mayor rendimiento, como se describió aquí anteriormente en combinación con otros rasgos económicamente ventajosos, tal como rasgos adicionales que mejoran el rendimiento, la tolerancia a diferentes tipos de estrés, rasgos que modifican diferentes características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

25 Ya que las plantas de la presente invención tienen excelentes características de crecimiento y tienen un alto rendimiento, son adecuadas para la producción de enzimas, productos farmacéuticos o agroquímicos. Además, son adecuadas para producir alimentos o piensos. La especificación describe enzimas, productos farmacéuticos o agroquímicos, así como alimentos o piensos aislados de estas plantas.

30 Además, un ácido nucleico que codifica una proteína 2xC2H2, una proteína 2xC2H2 y/o las construcciones descritas aquí puede ser utilizadas para programas de fitomejoramiento con miras al desarrollo de plantas de mayor rendimiento.

35 En particular, el uso de las variantes alélicas como se definió anteriormente, en particular, los programas de fitomejoramiento convencional, tales como el mejoramiento asistido por marcadores son también descritos aquí, además de su uso en los métodos de acuerdo con la presente invención. Esos programas de fitomejoramiento a veces requieren la introducción de variaciones alélicas en las plantas por medio de tratamiento mutagénico de una planta. Un método mutagénico adecuado es la mutagénesis EMS. La identificación de variantes alélicas se lleva a cabo, por ejemplo, por medio de PCR. Esto es seguido por una etapa de selección para la selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que dan lugar a las características de crecimiento alteradas en una planta. La selección se lleva a cabo típicamente por medio del monitoreo del desempeño del crecimiento de las plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión, por ejemplo, la SEQ ID NO 1. El monitoreo del desempeño del crecimiento puede hacerse en un invernadero o en el campo. Otras etapas opcionales incluyen el cruce de plantas en el que se identificó la variante alélica superior con otra planta. Esto podría ser utilizado, por ejemplo, para hacer una combinación de características fenotípicas interesantes.

45 De acuerdo con otro tipo de programa de fitomejoramiento se identificó un marcador de ADN que pueden estar genéticamente enlazado a un gen capaz de modificar la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 en una planta, el cual puede ser un gen que codifica la proteína misma con dedos de zinc 2xC2H2 o cualquier otro gen que puede influir directa o indirectamente en la expresión del gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 y/o la actividad de la proteína misma con dedos de zinc 2xC2H2. Este marcador de ADN puede entonces ser utilizado en programas de fitomejoramiento para seleccionar plantas con características alteradas de crecimiento.

55 Los métodos de acuerdo con la presente invención también puede ser practicados por medio de la introducción en una planta de al menos una parte de un cromosoma (natural o artificial) (tal como un Cromosoma Artificial Bacteriano (BAC)), el cual contiene al menos un gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2, opcionalmente junto con uno o más miembros de la familia de genes relacionados. Por lo tanto, se describe un método para modificar las características del crecimiento de las plantas mediante la expresión en una planta de al menos una parte de un cromosoma que contiene al menos un gen que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2.

La presente invención será descrita ahora con referencia a las siguientes figuras en las que:

60 La Fig. 1 es un mapa de un vector de expresión para la expresión en plantas de una proteína con dedos de zinc 2xC2H2 bajo el control de un promotor GOS2. CDS1536 es el código interno para el ADNc de la proteína con dedos

de zinc tolerante a la sal (STZ) de *Arabidopsis thaliana*. El casete de expresión de la proteína con dedos de zinc tiene un promotor GOS2 y una doble secuencia de terminación (T-zeina y T-rbcS-deltaGA) ubicados en el margen izquierdo (repetición LB) y el margen derecho (repetición RB) del plásmido Ti. Clonados dentro de estos bordes T están también un marcador detectable y un marcador seleccionable, cada uno bajo el control de un promotor constitutivo (Prom), seguido por una secuencia de terminación (poli A y t-NOS). Además, este vector también contiene un origen de replicación (pBR322 (ori + bom)) para replicación bacteriana y un marcador de seleccionable (Sm / SpR) para selección bacteriana.

La Fig. 2A muestra imágenes digitales de una línea positiva T1 transformada con un transgén para el dedo de zinc STZ bajo el control de un promotor GOS2 y la Fig. 2B muestra imágenes digitales de las plantas nulicigotas correspondientes.

La Fig. 3 enlista secuencias útiles en los métodos de la presente invención. La SEQ ID NO 1 es un ácido nucleico que codifica STZ aislado de *Arabidopsis thaliana*; el codón de inicio y el codón de detención están resaltados en negrilla. La SEQ ID NO 2 es la secuencia de la proteína STZ codificada por la SEQ ID NO 1. En la proteína STZ la señal de localización nuclear también llamada el motivo KRS o la caja B está anotada (negrilla, cursiva, subrayada), así como la caja en L (negrilla, subrayada), el motivo de EAR (negrilla, cursiva), y los dos dominios de dedos de zinc C2H2 con el motivo QALGGH (negrilla y en un recuadro). La SEQ ID NO 10 hasta la SEQ ID NO 25 proporcionan las secuencias de diferentes ortólogos de la proteína STZ de *Arabidopsis thaliana* de otras especies vegetales. La SEQ ID NO 26 hasta la SEQ ID NO 35 proporcionan las secuencias de diferentes parálogos (de *Arabidopsis*) de la proteína STZ. La SEQ ID NO 36 hasta la SEQ ID NO 50 proporciona las secuencias de genes relacionados para 2xC2H2 y proteínas útiles en los métodos de la presente invención.

La Fig. 4 es una fotografía de plantas T3 cultivadas en un invernadero (A) o en un campo (B). La fotografía muestra el incremento en rendimiento (especialmente en biomasa por encima del suelo y en altura de la planta) en las generaciones posteriores de plantas transformadas STZ.

La Fig. 5 muestra el vector binario para la expresión en *Oryza sativa* del gen para STZ de *Arabidopsis thaliana* (CDS1536) bajo el control de un promotor WS18 preferido de la semilla (PRO0151). Este vector contiene un T-ADN derivados del Plásmido Ti, limitado por un borde izquierdo (repetición LB, LB Ti C58) y un borde derecho (repetición RB, RB Ti C58)).

El casete de expresión de la proteína con dedos de zinc tiene un promotor WS18 (PRO0151) y una doble secuencia de terminación (T-zeina y T-rbcS deltaGA) ubicada en el borde izquierdo (repetición LB) y el borde derecho (repetición RB) del plásmido Ti. Clonados dentro de estos bordes T están también un marcador detectable y un marcador seleccionable, cada uno bajo el control de un promotor constitutivo (Prom), seguido por una secuencia de terminación (poli A y t-NOS). Además, este vector también contiene un origen de replicación (pBR322 (ori + bom)) para replicación bacteriana y un marcador seleccionable (Sm / SPR) para selección de bacterias.

Ejemplos

La presente invención se describirá ahora con referencia a los ejemplos siguientes, que se presentan a modo de ilustración únicamente.

Manipulación del ADN

A menos que se indique lo contrario, las técnicas de ADN recombinante se llevan a cabo de acuerdo a los protocolos estándar descritos en Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory, 3ª Edición de Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York o en los volúmenes 1 y 2 de Ausubel et al. (1988), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Los materiales y métodos estándar para el trabajo molecular de plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfase (1993) por el R. D. D. Croy, publicado por la BIOS Scientific Publications Ltd (Reino Unido) y Blackwell Scientific Publications (Reino Unido).

Ejemplo 1: Clonación de genes

Un gen que codifica una proteína STZ fue amplificado por medio de PCR a partir de una biblioteca de ADNc de plántulas de *Arabidopsis thaliana* (Invitrogen, Paisley, Reino Unido). Después de la transcripción inversa del ARN extraído de plántulas, se clonó el ADNc en pCMV Sport 6.0. El tamaño promedio del inserto del banco era de 1,5 kb, y el número original de los clones era de $1,59 \times 10^7$ cfu/ml. Se determinó que el título original era de $9,6 \times 10^5$ cfu/ml, después de la primera amplificación de 6×10^{11} cfu/ml. Después de la extracción del plásmido, se utilizaron 200 ng de plantilla en una mezcla de la PCR de 50 μ l. Las secuencias de los iniciadores utilizados para la amplificación por PCR eran, incluyendo los sitios attB para la recombinación Gateway (en negrilla) eran PRM3204 (sentido, el codón de inicio en cursiva) 5' **GGGGACAAGT7TGTACAAAAAAGCAGGCTTCACAATGGCG** CTCGAGGCTC 3' (SEQ ID NO 3) y PRM3205 (inversa, codón de detención complementario en cursiva) 5' **GGGGACCACTT**

GTACAAGAAAGCTGGGTAAATTTCC TTAAGTTGAAGTTTGA 3' (SEQ ID NO 4).

5 Se llevó a cabo la PCR utilizando Taq ADN polimerasa Hifi en condiciones estándar. El fragmento de la PCR (CDS1536) fue amplificado y purificado utilizando métodos estándar. Se realizó entonces la primera etapa del procedimiento Gateway, la reacción BP, durante el cual el fragmento de la PCR se recombinó *in vivo* con el plásmido pDONR para producir, de acuerdo con la terminología de Gateway, un "clon de entrada", p3359. PDONR fue adquirido a Invitrogen, como parte de la tecnología de Gateway.

Ejemplo 2: Construcción del vector para la transformación de arroz con pGOS2:: AtSTZ

10 El clon de entrada p3359 fu utilizado posteriormente en una reacción LR con p0640, un vector de destinación utilizado para la transformación de arroz. Este vector contiene como elementos funcionales dentro de los bordes del T-ADN un marcador seleccionable de la planta y un casete Gateway destinados a la recombinación *in vivo* LR con la secuencia de interés ya clonada en el vector donante. Secuencia arriba de este casete Gateway se encuentra el promotor GOS2 del arroz para expresión constitutiva del gen para el dedo de zinc (De Pater et al. Plant J. 2 (6) 837 - 844, 1992). Después de la etapa de recombinación, se transformó el vector de expresión resultante con el casete de expresión CD4398 (Figura 1) en la cepa LBA4404 de *Agrobacterium* y, posteriormente en las plantas. Se le permitió a las plantas de arroz transformadas crecer y luego se examinaron diferentes parámetros como se describe en el Ejemplo 3.

Ejemplo 3: Evaluación de plantas de arroz transgénicas T0, T1 y T2 transformadas con pGOS2:: AtSTZ (CD4398)

20 Se generaron aproximadamente de 15 a 20 transformantes independientes T0. Se transfirieron los transformantes primarios T0 desde las cámaras de cultivo de tejidos a un invernadero para el cultivo y la cosecha de semillas T1. Se retuvieron seis eventos de los cuales la progenie T1 segregó 3:01 por la presencia / ausencia del transgén. Para cada uno de estos eventos, aproximadamente 10 plántulas T1 que contienen el transgén (hetero y homocigotos), y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecen del transgén (nulicigotos), fueron seleccionadas por PCR. Con base en los resultados de la evaluación T1 se escogieron tres eventos, para una caracterización adicional en la generación T2, siendo muy positivo un evento para una serie de parámetros, siendo un segundo evento positivo para una serie de parámetros, pero menos pronunciado, y siendo un tercer evento neutral. Se seleccionaron lotes de semillas de las plantas positivas (tanto hetero como homocigotas) en T1, revisando la expresión del marcador. Para cada evento seleccionado, se seleccionaron luego los lotes de semillas heterocigotas para la evaluación T2. Se trasplantaron un número igual de positivos y de negativos dentro de cada lote de semilla para evaluación en el invernadero (es decir, para cada evento se cultivaron 40 plantas de las cuales habían aproximadamente 20 positivos para el transgén y aproximadamente 20 negativos). Por lo tanto, el número total para los tres eventos ascendió a 120 plantas para su evaluación en la generación T2.

Las plantas T1 y T2 fueron trasferidas al invernadero y evaluadas para los parámetros de crecimiento vegetativo y los parámetros de las semillas, tal como se describe a continuación.

(I) Análisis estadístico de las características fenotípicas

35 Se utilizó un ANOVA de dos factores (análisis de la varianza) como modelo estadístico para la evaluación global de las características fenotípicas de las plantas. Se llevó a cabo una prueba F sobre todos los parámetros medidos, para todas las plantas de todos los eventos transformados con el gen de interés. Se llevó a cabo la prueba F para comprobar si hay un efecto del gen sobre todos los eventos de transformación y para verificar el efecto general del gen o "efecto global del gen". Datos significativos, como los determinados por el valor de la prueba F, indican un efecto del "gen", lo que significa que el fenotipo observado es causado más que por la presencia o la posición del gen. En el caso de la prueba F, el umbral de significación para un efecto global del gen se establece en un nivel de probabilidad del 5%.

45 Para comprobar el efecto de los genes dentro de un evento, es decir, por un efecto de específico de línea, se llevó a cabo una prueba t dentro de cada evento utilizando conjuntos de datos de las plantas transgénicas y las correspondientes plantas nulas. Las "plantas nulas" o "segregantes nulos" son las plantas tratadas en la misma forma que la planta transgénica, pero a partir de las cuales se ha segregado el transgén. Las plantas nulas también pueden ser descritas como plantas transformantes negativas homocigotas. El umbral de significación para la prueba t se fija en un nivel de probabilidad del 10%. Dentro de una población de eventos de transformación, algunos eventos pueden estar por debajo o por encima de este umbral de la prueba t. Esto se basa en la hipótesis de que un gen puede tener únicamente un efecto en ciertas posiciones en el genoma, y que la aparición de este efecto dependiente de la posición no es infrecuente. Este tipo de efecto del gen también puede ser denominado como un "efecto de la línea de un gen". El valor p se obtiene por comparación del valor t con la distribución t o, alternativamente, mediante la comparación del valor F con la distribución f. El valor p representa la probabilidad de que la hipótesis nula (siendo la hipótesis nula "no hay ningún efecto del transgén") sea correcta.

(II) Mediciones de crecimiento vegetativo

5 Las plantas seleccionadas fueron cultivadas en un invernadero. Cada planta recibió una etiqueta de código de barras único para vincular de forma inequívoca los datos del fenotipo con la planta correspondiente. Las plantas seleccionadas se cultivaron en suelo en macetas de 10 cm de diámetro bajo los siguientes parámetros ambientales: período de luz = 11,5 h, intensidad de luz día = 30.000 lux o más, temperatura durante el día = 28°C o superior, temperatura durante la noche = 22°C, humedad relativa = 60 - 70%. Las plantas transgénicas y los nulicigotos correspondientes fueron cultivados una al lado del otro en posiciones aleatorias. A partir de la etapa de siembra hasta la etapa de madurez (que es la etapa donde no hay más aumento en biomasa) las plantas fueron pasadas semanalmente a través de una cabina de imágenes digitales (los ejemplos de las imágenes se muestran en las Figuras 2A y 2B). En cada momento se tomaron las imágenes digitales (2048 x 1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta a partir de al menos 6 ángulos diferentes. Los parámetros descritos más abajo se obtuvieron de una forma automática a partir de las imágenes digitales usando un software para análisis de imágenes.

(A) Área por encima del suelo

15 Se determinó el área por encima del suelo de la planta contando el número total de píxeles a partir de las partes de la planta por encima del suelo discriminados desde el fondo. Este valor fue promediado para las imágenes tomadas en el mismo momento desde diferentes ángulos y fue convertido en un valor físico de superficie expresado en milímetros cuadrados por medio de calibración. Los experimentos muestran que el área de la planta por encima del suelo medida de esta manera se correlaciona con la biomasa de las partes de la planta sobre el suelo.

20 Los resultados de los valores máximos del área por encima del suelo de las líneas seleccionadas para la evaluación de T2 se resumen en la Tabla 1. Las plantas de la línea de mejor desempeño mostraron un incremento en biomasa del 34%, en comparación con los nulicigotos. Cuando se llevó a cabo una prueba F sobre todas las plantas de todos los eventos T2 se hizo evidente que las plantas transgénicas muestran un aumento significativo en el área por encima del suelo, en promedio un incremento de aproximadamente el 18%. Un aumento significativo en la biomasa por encima del suelo es mostrado también por las plantas transformadas STZ que crecieron bajo condiciones de campo (véase la Figura 4).

30 Tabla 1: Área por encima del suelo de plantas transgénicas T2 STZ. Cada fila corresponde a un evento, para lo cual se determinó el área máxima promedio por encima del suelo (expresada en mm²) para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas). Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de dif.). P representa la probabilidad producida por la prueba t para cada evento. La última fila presenta los números promedio calculados a partir de todos los eventos. Aquí, el valor p es producido por la prueba F.

Área máxima total por encima del suelo (mm ²)					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	63947	47606	16341	34	0,0021
CD4396 L2	42509	41342	1167	3	0,8063
CD4396 L3	41116	33687	7429	22	0,1107
Total	49178	41657	7522	18	0,0047

(b) Mediciones de altura de la planta

35 La altura de la planta fue determinada por medio de la distancia entre las líneas horizontales que van a través del borde superior de la maceta y el píxel más elevado que corresponde a una parte de la planta por encima del suelo. Este valor fue promediado para las imágenes tomadas en el mismo momento desde los diferentes ángulos y fue convertido, por calibración, a una distancia física expresada en mm. Los experimentos demostraron que la altura de planta medida de esta manera se correlaciona con la altura de la planta medida de forma manual con una regla.

40 El aumento de la altura de la planta se muestra muy claramente en las plantas transformadas STZ cuando se midió al final del crecimiento vegetativo (ver la figura 4A). Además, este parámetro, fue mostrado por las plantas transformadas STZ cuando crecieron en el campo (ver la figura 4b) en el momento de la cosecha.

(c) Mediciones del tiempo de ciclo del área total

Se tomaron fotografiadas de las plantas semanalmente a lo largo del ciclo celular completo y se determinó el área máxima total de las plantas como se mencionó anteriormente. El Tiempo del Ciclo del Área Total es el momento en que una planta alcanza el 90% de su área máxima total. Este parámetro es una indicación de la duración del crecimiento vegetativo.

5 Sólo en algunas líneas transgénicas se produjo un efecto sobre el tiempo del ciclo. Estas pocas líneas mostraron un crecimiento vegetativo prolongado.

(III) Medición de los parámetros relacionados con la semilla

10 Se cosecharon las panículas primarias maduras, se las colocó en bolsas, se las marcó con código de barras y luego se las secó durante tres días en el horno a 37°C. Las panículas fueron luego trilladas y se recogieron todas las semillas. Las vainas llenas fueron separadas de las vacías con un dispositivo de soplado de aire. Después de la separación, se hizo un recuento de los dos lotes de semillas con una máquina contadora disponible en el mercado. Las vainas vacías fueron descartadas. Las vainas llenas fueron pesadas en una balanza analítica y se midió el área de sección transversal de las semillas utilizando formación de imágenes digitales. Este procedimiento dio como resultado el conjunto de parámetros relacionados con las semillas que se describen a continuación.

15

(a) El número total de semillas llenas por planta

Se determinó el número de semillas llenas contando el número de vainas llenas que quedó después de la etapa de separación.

20

El número total de semillas llenas por planta se resumen en la Tabla 2. La prueba t muestra que para dos eventos, las plantas transgénicas producen un 106% y un 130% más de semillas llenas que de los nulicigotos.

Tabla 2: Número de semillas llenas de plantas transgénicas T2 STZ. Cada fila corresponde a un evento, para el cual se determinó el número promedio de semillas llenas para las plantas transgénicas (TR) y las plantas nulas (nulas).

25

Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de *dif.*). P representa la probabilidad producida por la prueba t para cada evento. La última fila presenta los números promedio calculados a partir de todos los eventos. Aquí, el valor p es producido por la prueba F.

Número de semillas llenas					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	387,9	188,7	199,19	106	<0,0001
CD4396 L2	163,8	156,5	7,22	5	0,8382
CD4396 L3	236,9	102,9	133,98	130	0,0004
Total	264,9	159,7	105,25	66	<0,0001

(b) Peso total de las semillas por planta

Se midió el peso total de la semilla pesando todas las vainas llenas cosechadas de una planta.

30

Los valores de peso total de las semillas de las plantas transformadas STZ se resumen en la Tabla 3. Las plantas transgénicas STZ producen significativamente más peso de semilla que los correspondientes nulicigotos. La diferencia en peso de las semillas de los transgénicos pueden ser tan altas como 138% o superior.

35

Tabla 3: Peso total de la semilla por planta de las plantas transgénicas T2 STZ. Cada fila corresponde a un evento, para el cual se determinó el peso total promedio de la semilla (en gramos) para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas). Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de *dif.*). P representa la probabilidad producida por la prueba t para cada evento. La última fila presenta los números promedio calculados a partir de todos los eventos. Aquí, el valor p es producido por la prueba F.

Peso total de las semillas					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	9,8	4,5	5,25	116	<0,0001
CD4396 L2	3,4	3,3	0,1	3	0,908
CD4396 L3	6,1	2,6	3,56	138	0,0001
Total	6,5	3,7	2,75	74	<0,0001

(c) Índice de cosecha

El índice de cosecha en la presente invención se define como el cociente entre el rendimiento total de semilla y el área por encima del suelo (mm^2), multiplicado por un factor de 10^6 .

- 5 Los valores de índice de cosecha de las plantas transgénicas STZ se resumen en la Tabla 4. Las plantas transgénicas STZ tienen un aumento significativo en el índice de cosecha. El aumento en el índice de cosecha de las plantas transgénicas pueden ser tan alto como 66%, en comparación con los nulicigotos correspondientes.

10 Tabla 4: Índice de cosecha de plantas transgénicas T2 STZ. Cada fila corresponde a un evento, para el cual se determinó el peso total promedio de la semilla (en gramos) para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas). Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de dif.). P representa la probabilidad producida por la prueba t para cada evento. La última fila presenta los números promedio calculados a partir de todos los eventos. Aquí, el valor p es producido por la prueba F.

Índice de Cosecha					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	149,1	90	59,11	66	<0,0001
CD4396 L2	74	73,4	0,55	1	0,9574
CD4396 L3	121,3	75,9	45,32	60	<0,0001
Total	114,8	82,6	32,16	39	<0,0001

15 (d) Peso de mil granos (TKW) de las plantas

El Peso de Mil Granos (TKW) es un parámetro extrapolado a partir del número de semillas llenas contadas, y su peso total.

- 20 Los valores del peso de mil granos de plantas transgénicas STZ se presentan en la Tabla 5. Las plantas transgénicas STZ tienen un peso mayor de mil granos. El aumento de TKW de las plantas transgénicas puede ser tan alto como del 6% en comparación con los nulicigotos correspondientes.

25 Tabla 5: Peso de mil granos de plantas transgénicas T2 STZ. Cada fila corresponde a un evento, para el cual se determinó el TKW promedio para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas). Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de dif.). P representa la probabilidad producida por la prueba t para cada evento. La última fila presenta los números promedio calculados a partir de todos los eventos. Aquí, el valor p es producido por la prueba F.

TKW					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	25,2	23,8	1,46	6	0,0128
CD4396 L2	20,6	20,7	-0,14	-1	0,7963
CD4396 L3	25,5	24,5	0,99	4	0,0812
Total	23,7	23	0,71	3	0,0213

(e) Número total de semillas

Se midió el número total de semillas por planta contando el número de vainas cosechadas de una planta.

- 5 El número total de semillas por planta se resume en la Tabla 6. Las plantas transformadas STZ tienen un aumento en el número total de semillas. El aumento del número total de semillas puede ser tan alta como el 68%, en comparación con los nulicigotos correspondientes.

- 10 Tabla 6: Número total de semillas de plantas transgénicas T2 STZ. Cada fila corresponde a un evento, para el cual se determinó el número total promedio de semillas para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas). Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de dif.). P representa la probabilidad producida por la prueba t para cada evento. La última fila presenta los números promedio calculados a partir de todos los eventos. Aquí, el valor p es producido por la prueba F.

Número total de semillas					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	483,5	367,4	116,03	32	0,0146
CD4396 L2	353,9	327,5	26,42	8	0,5473
CD4396 L3	383,6	228,2	155,48	68	0,0009
Total	406	312,5	93,52	30	0,0002

Conclusión

- 15 Se puede concluir que el crecimiento vegetativo es mayor en las plantas transgénicas STZ en comparación con las plantas no transgénicas de control, como se refleja por medio de parámetros tales como el área por encima del suelo, donde el incremento es superior al 20%. Este efecto puede ser atribuido a la expresión del gen para STZ en las plantas transgénicas. Adicionalmente, en algunos eventos de transformación, la longitud del crecimiento vegetativo se ve alterado en las plantas transgénicas STZ. Para aquellos eventos de transformación en los cuales se produce este efecto, en promedio, el crecimiento vegetativo se prolongó con aproximadamente 4 a 6 días, bajo las condiciones analizadas.

- 25 Además, se incrementó el rendimiento en plantas transgénicas STZ. Varios parámetros de la semilla reflejan este incremento del rendimiento. El número total de semillas cosechadas fue al menos 100% mayor en los transgénicos que en las plantas de control, para aquellos eventos que muestran un diferencial. Para estos eventos, también hubo un aumento en el número total de semillas de los transgénicos, cuyo aumento fue superior al 30%. El llenado de semillas en aquellos transgénicos se mejoró mucho, alcanzando diferencias superiores al 100% en el número de semillas llenas.

- 30 La semillas de las plantas transgénicas fueron también más pesadas, y probablemente más grandes, según lo sugerido por los valores más altos obtenidos para el peso de mil granos. El parámetro TKW es un parámetro muy estable en las variedades cultivadas de arroz, tales como Nipponbare, y en las condiciones de crecimiento utilizadas aquí. Esto significa que este parámetro no es fácilmente influenciado y lo convierte en un parámetro de producción

importante. Por lo tanto, un aumento de TKW del 6% representa un significativo incremento en el rendimiento. El índice de cosecha, otro parámetro importante de rendimiento, se incrementó en las plantas transgénicas en más del 50%.

- 5 En resumen, con base en la evaluación de plantas transgénicas STZ en las generaciones T1, T2 y posteriores, puede concluirse que la presencia de un transgén STZ, tiene un efecto positivo sobre el tamaño de la planta y/o de sus órganos, así como un efecto positivo sobre el rendimiento final cosechado.

10 (III) Mediciones de crecimiento de la raíz

15 Se cultivaron las plantas transgénicas junto a sus correspondientes segregantes nulos no transgénicos en macetas transparentes. En promedio, por cada construcción que contiene una combinación particular promotor-2xC2H2, se evaluaron un mínimo de 5 eventos de transformación independientes por el crecimiento de la raíz, el desarrollo de la raíz y la arquitectura de la raíz. Típicamente, por cada evento de transformación, se comparan 10 transgénicos con 10 nulicigotos. Las fotografías de la raíz se toman semanalmente durante el crecimiento de la planta. Se procesan las fotografías y se analizan para extraer los valores para los parámetros de la raíz como se detalla a continuación. Se aplican los análisis estadísticos como se describió anteriormente a estos datos.

20 a) Área de la raíz

El área total de la raíz se calcula a partir del número sumado de píxeles de cada una de las imágenes de la raíz. Se ha establecido previamente una correlación lineal positiva entre el área de la raíz y el peso seco y la biomasa de la raíz de la raíz por medio de experiencias similares. Por lo tanto, el área de la raíz es una buena aproximación para la biomasa de la raíz.

25 b) Longitud de la raíz

El perímetro total de las raíces de una planta se calcula como la suma del perímetro de todas las raíces en las imágenes. Se estableció previamente una correlación lineal entre esta medición y la longitud de la raíz. Por lo tanto, la longitud de la raíz se extrapola a partir del perímetro total de la raíz.

c) Ancho de la raíz

30 El ancho promedio de la raíz de una planta se expresa como la relación entre el Área de la Raíz y la Longitud de la Raíz.

35 Las plantas transgénicas STZ de la invención muestran un rendimiento superior en comparación con las plantas de control. Las plantas transgénicas se alteran en uno o más de los parámetros de la raíz que se detallan más arriba. En particular, los transgénicos tienen mayor biomasa de la raíz, por ejemplo, debido al aumento del peso seco o el área de la raíz, y/o al aumento de la longitud de la raíz y/o del ancho de la raíz.

Ejemplo 4: Medición del ancho de la lámina de la hojas

40 Las hojas de las plantas transgénicas STZ parecieron más grandes y más anchas en comparación con los controles correspondientes de plantas no transgénicas. Para cuantificar el aumento en el ancho de la hoja, se midió el ancho de la lámina de la hoja (la longitud del eje transversal) de la hoja bandera con una regla en la parte más ancha de la hoja, que es aproximadamente la mitad de la longitud, en las plantas que han alcanzado al final de la fase de crecimiento vegetativo. Los resultados mostrados en la Tabla 7, indican que el aumento en el ancho de la lámina de la hoja al menos en el evento aquí medido fue de alrededor del 15% en comparación con el nulicigoto correspondiente.

45 Tabla 7: Ancho de la lámina de la hoja de las plantas transgénicas T2 STZ. Se determinó el ancho promedio de la lámina de la hoja para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas) del evento seleccionado. Se presentan las diferencias en valores absolutos entre la población de transgénicos y los nulicigotos de cada evento (*dif.*), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de *dif.*). P representa la probabilidad producida por la prueba t.

Ancho de la lamina de la hoja					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD4396 L1	1,56	1,35	0,21	15	0,098

Ejemplo 5: Construcción del vector para la transformación de arroz con pWSI18:: AtSTZ

5 La construcción del vector para transformación con el casete pWSI18 (PRO0151) - AtSTZ (CDS1536) se llevó a cabo esencialmente como en el ejemplo 2. El clon de entrada p3359, descrito anteriormente, fue posteriormente
 10 utilizado en una reacción LR con p05653, un vector de destinación utilizado para la transformación de arroz. Este vector de destinación contiene como elementos funcionales dentro de los bordes del T-ADN un marcador seleccionable de la planta y un casete Gateway destinados para recombinación *in vivo* LR con la secuencia de interés ya clonada en el vector donante. Un promotor WSI18 para expresión preferida de la semilla (PRO0151) se localiza secuencia arriba de este casete Gateway. Después la etapa de recombinación, el vector de expresión
 15 resultante con el casete de expresión CD4398 (Figura 5) fue transformado en la cepa LBA4404 de *Agrobacterium* y, posteriormente, este vector fue transformado en plantas de *Oryza sativa*. Se les permitió crecer a las plantas de arroz transformadas y luego fueron examinadas en relación con diversos parámetros como se describe en el ejemplo 3.

15 **Ejemplo 6:** Evaluación de plantas de arroz transgénico T0 y T1 transformadas con el casete de expresión preferido de la semilla pWS118:: AtSTZ (CD4398)

Las preparaciones de callos y de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* que contiene al vector de expresión con el casete de expresión CD4398, se llevaron a cabo como se describe en ejemplo 3, así como la transformación de callos y regeneración de la planta.

20 Se regeneraron aproximadamente 15 a 20 transformantes de arroz independientes T0. Se transfirieron los transformantes primarios desde las cámaras de cultivo de tejidos hasta un invernadero para el cultivo y cosecha de semillas T1. Se retuvieron eventos, de los cuales la progenie T1 segregada 3:1 por la presencia / ausencia del transgén. Para cada uno de estos eventos, aproximadamente 10 plántulas T1 que contienen el transgén (hetero y homocigotos), y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecen del transgén (nulicigotos), fueron seleccionados por
 25 medio del monitoreo de la expresión del marcador. Se cultivaron las plántulas transgénicas junto a los nulicigotos de control, se cosecharon las semillas y se determinó el peso de mil granos como se describió anteriormente.

30 Las plantas transformadas que contienen el casete de expresión CD8490 (pWSI18:: STZ preferido de las semillas), tenían una apariencia normal y saludable y fueron cosechadas al mismo tiempo que las plantas de control. Las semillas cosechadas de las plantas transgénicas tuvieron un incremento en el peso de mil granos en comparación con las plantas control. Como se muestra en la Tabla 8 el incremento en el peso de mil granos mil fue superior al 10%.

Tabla 8: Peso de mil granos de plantas transgénicas T1 STZ. Se determinó el peso promedio de mil granos para los transgénicos (TR) y las plantas nulas (nulas) del evento seleccionado. Se presenta la diferencia en valores absolutos entre la población de transgénicos y la de nulicigotos del evento (dif.), así como el porcentaje de diferencia entre las dos poblaciones (% de dif.). P representa la probabilidad producida por la prueba t.

Peso de mil granos					
Línea	TR	nula	% de dif.	dif.	valor p
CD8490 L1	29,6	26,8	2,82	11	0,001

35 **Ejemplo 7:** Clonación, transformación y evaluación de otros genes que codifican 2xC2H2.

40 En la tabla 9 se da un vistazo general de las construcciones con STZ u otras proteínas con dedos de zinc 2xC2H2, bajo el control de diferentes promotores, cuyas construcciones se elaboran para uso en los métodos de la presente invención. Las regiones de codificación de los genes para 2xC2H2 que van a ser clonados (GOI, Gen de Interés) se amplifican por PCR a partir del ADNc, siguiendo el protocolo como en el Ejemplo 1. Se diseñaron iniciadores específicos para cada gen para 2xC2H2 en los codones de inicio y terminación de la secuencia del gen como los

presentes en la base de datos pública bajo un número de acceso como se indica en la Tabla 9. Estas secuencias clonadas se incorporan aquí también bajo el número de la SEQ ID NO como se menciona en la tabla. Además, a los fragmentos aislados de la PCR se les dio también un número de CDS único.

- 5 El fragmento de PCR con un gen para 2xC2H2 es luego clonado bajo el control de un promotor particular. Se elaboran diferentes combinaciones para diferentes genes (ver la Tabla 9). Se elaboran construcciones quiméricas y los números de CD representan las cepas bacterianas que portan la construcción quimérica. Se obtienen las correspondientes plantas transgénicas mediante la transformación de las plantas con las construcciones quiméricas, siguiendo los protocolos como se mencionó aquí anteriormente. La evaluación de los eventos transgénicos revela un
- 10 aumento en el rendimiento, y un aumento en el área de la superficie foliar y/o un aumento en la duración del crecimiento vegetativo en las plantas transgénicas en comparación con el control de plantas no transgénicas.

Tabla 9: ejemplos de construcciones quiméricas 2xC2H2 útiles para los métodos de la presente invención. * Ver la Tabla 10

15

CDS	Número de acceso (ADNc sobre el cual se diseñaron los iniciadores para amplificar la región CDS)	Número ACC de la proteína	SEQ ID NO	PRO0129*	PRO0170*	PRO0061_2*	PRO0123*	PRO0207*	PRO0110*	PRO0090*	PRO0151*	PRO0218*
CDS1536 STZ Arabidopsis	X95573	CAA64820	1 + 2	CD4398	CD11371	CD11382	CD10960	CD10959	CD10313	CD11370	CD08490	
CDS2200 Parálogo Arabidopsis	AF022658 NM_120516	AA880922.1At5g04340	28 + 29	CD11576			CD11413		CD11540	CD11322	CD8294	CD11326
CDS2205 Parálogo Arabidopsis	NIM_123683	At5g43170	32 + 33	CD11325			CD11414		CD11381	CD11327	CD9143	CD11328
CDS2775 Ortólogo Oryza sativa	AF332876	AAK01713.1	36 + 37	CD09948					CD10315	CD11320	CD09995	CD11321
CDS1677 Homólogo Arabidopsis	AL132966 REGIÓN: 116202..116729	CAB67667	38 + 39	CD06462			CD		CD	CD		
CDS3337 Homólogo Caña de azúcar	CA279020		40	CD			CD		CD	CD		

(continuación)

CDS	Número de acceso (ADNc sobre el cual se diseñaron los iniciadores para amplificar la región CDS)	Número ACC de la proteína	SEQ ID NO	PRO0129*	PRO0170*	PRO0061_2*	PRO0123*	PRO0207*	PRO0110*	PRO0090*	PRO0151*	PRO0218*
CDS2416 Homólogo Arabidopsis	AF254447	At3g57670	41 + 42	CD			CD		CD	CD		
CDS2377 Homólogo Arabidopsis	AJ311810	CAC86167	43 + 44	CD			CD		CD	CD		
CDS Homólogo Arabidopsis	AL355775 REGION: complemento (7957..8451)	CAB90935	45 + 46	CD			CD		CD	CD		
CDS Homólogo Arabidopsis	AL391143 REGION: complemento (31730..32938)	CAC01747	47 + 48	CD			CD		CD	CD		
CDS3641 Homólogo Arabidopsis	X98678	CAA67236	49 + 50	CD			CD		CD	CD		

Tabla 10: Ejemplos de promotores utilizados en combinación con 2xC2H2 para los métodos de la presente invención.

Promotor	Tipo de expresión preferida	Especie de origen	Gen
PRO0151	Semillas (principalmente embrión y aleurona). Expresión fuerte.	Oryza sativa	WSI18
PRO0110	Raíz	Oryza sativa	RCc3
PRO0207	Tejido verde. Niveles de expresión moderados	Saccharum officinarum	Prp
PRO0123	Tejido verde. Niveles de expresión fuerte.	Oryza sativa	Protoclorofilida reductasa
PRO0090	Específica de la semilla (principalmente endospermo)	Oryza sativa	Prolamina RP6
PRO0170	Constitutiva. Expresión fuerte.	Oryza sativa	Proteína del Grupo de Alta Movilidad
PRO0218	Semillas (principalmente embrión y aleurona)	Oryza sativa	oleosina 18kda
PRO0061_2	Tejidos jóvenes en expansión	Oryza sativa	beta-expansina EXPB9
PRO0129	Constitutiva. Niveles de expresión altos.	Oryza sativa	GOS2

Ejemplo 8. Uso de la invención en maíz

5 Los métodos de la invención descrita en este documento también se utilizan en maíz. Para este propósito, se clona un gen que codifica STZ, por ejemplo, un ortólogo de maíz u otro ortólogo STZ, bajo el control de un promotor que puede operar en el maíz, en un vector de transformación de plantas adecuado para la transformación de maíz mediada por *Agrobacterium*. Los métodos que se utilizan para la transformación del maíz han sido descritos en la literatura (Ishida et al, Nat Biotechnol 1996 Jun; 14 (6) : 745 - 50, Marco et al, Plant Physiol de mayo de 2002, 129 (1): 13 - 22).

10 Las plantas transgénicas elaboradas por estos métodos se cultivan en el invernadero para la producción de semillas T1. La heredabilidad y el número de copia del transgén son revisados por medio de PCR cuantitativa en tiempo real y análisis de transferencias tipo Southern y los niveles de expresión del transgén se determinan por medio de PCR inversa y el análisis tipo Northern. Se seleccionan las líneas transgénicas con inserciones una sola copia del transgén y con diferentes niveles de expresión del transgén para la producción de semillas T2.

15 Semillas de la progenie se germinan y cultivan en el invernadero, en condiciones bien adaptadas para el maíz (período de luz 16:08, temperatura durante el día de 26 - 28°C y temperatura durante la noche de 22 - 24°C durante la noche) y así como bajo condiciones de escasez de agua, deficiencia de nitrógeno, y el exceso de NaCl. Los segregantes nulos de la misma línea de los padres, así como plantas de tipo silvestre de la misma variedad de cultivo se utilizan como controles. Las plantas de la progenie resultantes de la autofecundación o de cruces se evalúan con base en diferentes de biomasa y de desarrollo, incluyendo, altura de la planta, espesor del tronco / tallo, tamaño del tallo, el número de hojas, área total sobre el suelo, el verdor de las hojas, tiempo hasta maduración, tiempo para la floración, momento de la floración, tiempo para la flores, el número de mazorcas, longitud de la mazorca, el número de hileras, el número de granos, el tamaño del grano, el contenido de aceite del grano, la madurez del grano, el tiempo de cosecha. Las semillas de estas líneas también se comprueban con relación a diferentes parámetros, tales como el tamaño de grano, el rendimiento total de granos por planta, y la calidad del grano (contenido de almidón, el contenido de proteína y el contenido de aceite).

20 Se seleccionan las líneas que son más significativamente mejoradas en comparación con las líneas de control correspondientes para más pruebas de campo y fitomejoramiento asistido por marcadores, con el objetivo de transferir los rasgos transgénicos validados en campo en germoplasma comercial. Los análisis de maíz con relación a los parámetros relacionados con crecimiento y rendimiento en el campo se llevan a cabo utilizando protocolos bien establecidos. Las plantas de maíz son particularmente evaluadas sobre parámetros de rendimiento, tales como por ejemplo, la cantidad de plantas por acre, la cantidad de mazorcas por planta, la cantidad de filas por mazorca, la

cantidad de semillas por hilera y TKW. Se llevaron a cabo también posteriores mejoras de introgresión de loci específicos (tales como el transgén que contiene loci) a partir de un germoplasma dentro de otro utilizando protocolos bien establecidos.

LISTADO DE SECUENCIAS

- 5 <110> CropDesign N.V.
- <120> Plantas que tienen características de crecimiento modificadas y un método para su elaboración
- <130> CD-070-PCT
- <160> 50
- <170> PatentIn versión 3.1
- 10 <210> 1
- <211> 692
- <212> ADN
- <213> Arabidopsis thaliana
- <400> 1
- | | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|-------------|------------|-----|
| aatggcgctc | gaggetctta | catcaccaag | attagcttct | ccgattcctc | ctttgttcga | 60 |
| agattcttca | gtcttccatg | gagtcgagca | ctggacaaag | ggtaagcgat | ctaagagatc | 120 |
| aagatccgat | ttccaccacc | aaaacctcac | tgaggaagag | tatctagctt | tttgctcat | 180 |
| gcttctcgct | cgcgacaacc | gtcagcctcc | tcctcctccg | gcggtggaga | agttgagta | 240 |
| caagtgtagc | gtctgcgaca | agacgttctc | ttcttaccaa | gctctcgggtg | gtcacaaggc | 300 |
| aagccaccgt | aagaacttat | cacagactct | ctccggcgga | ggagatgatc | attcaacctc | 360 |
| gtcggcgaca | accacatccg | ccgtgactac | tggaagtggg | aaatcacacg | tttgaccat | 420 |
| ctgtaacaag | tcttttcctt | ccggtcaagc | tctcggcgga | cacaagcggt | gccactacga | 480 |
| aggaaacaac | aacatcaaca | ctagtagcgt | gtccaactcc | gaaggtgcgg | ggtccactag | 540 |
| ccacgttagc | agtagccacc | gtgggtttga | cctcaacatc | cctccgatcc | ctgaattctc | 600 |
| gatggccaac | ggagacgacg | aagtcatgag | ccctatgccg | gcgaagaagc | ctcggtttga | 660 |
| ctttccggtc | aaacttcaac | tttaaggaaa | tt | | | 692 |
- 15 <210> 2
- <211> 227
- <212> PRT
- <213> Arabidopsis thaliana
- 20 <400> 2

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

100 105 110
 Gly Gly Asp Asp His Ser Thr Ser Ser Ala Thr Thr Thr Ser Ala Val
 115 120 125
 Thr Thr Gly Ser Gly Lys Ser His Val Cys Thr Ile Cys Asn Lys Ser
 130 135 140
 Phe Pro Ser Gly Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Arg Cys His Tyr Glu
 145 150 155 160
 Gly Asn Asn Asn Ile Asn Thr Ser Ser Val Ser Asn Ser Glu Gly Ala
 165 170 175
 Gly Ser Thr Ser His Val Ser Ser Ser His Arg Gly Phe Asp Leu Asn
 180 185 190
 Ile Pro Pro Ile Pro Glu Phe Ser Met Val Asn Gly Asp Asp Glu Val
 195 200 205
 Met Ser Pro Met Pro Ala Lys Lys Pro Arg Phe Asp Phe Pro Val Lys
 210 215 220
 Leu Gln Leu
 225

<210> 3

5 <211> 50

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> iniciador PRM3204

<400> 3

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt cacaatggcg ctgaggctc 50

<210> 4

<211> 53

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> iniciador PRM3205

<400> 4

10 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta attcctaa agtgaagtt tga 53

<210> 5

<211> 6

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> motivo QALGGH

<400> 5

Gln Ala Leu Gly Gly His

1

5

20 <210> 6

<211> 6

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

25 <223> caja NNM

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

<222> (3)..(3)

<223> Xaa puede ser ya sea metionina o triptófano

30 <400> 6

Asn Asn Xaa Gln Met His
1 5

<210> 7

<211> 7

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> motivo EAR

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

10 <222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido hidrófobo (Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr)

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

15 <222> (5)..(5)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido hidrófobo (Ala, Cys, Phe, Gly, His, Ile, Lys, Leu, Met, Arg, Thr, Val, Trp o Tyr)

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

20 <222> (6)..(6)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido o no aminoácido

<400> 7

Xaa Asp Leu Asn Xaa Xaa Pro
1 5

<210> 8

25 <211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Caja B

30 <220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

<222> (3).. (3)

<223> Ser puede ser serina o no aminoácido

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

5 <222> (6)..(6)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido

<400> 8

Lys Arg Ser Lys Arg Xaa Arg
1 5

<210> 9

10 <211> 12

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Caja L

15 <220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

<222> (2)..(2)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido

<220>

20 <221> CARACTERÍSTICA NUEVA

<222> (4)..(5)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

25 <222> (7)..(7)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido

<220>

<221> CARACTERÍSTICA NUEVA

<222> (10)..(11)

30 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido

<400> 9

Glu Xaa Glu Xaa Xaa Ala Xaa Cys Leu Xaa Xaa Leu
 1 5 10

<210> 10

<211> 1006

5 <212> ADN

<213> Datisca glomerata

<400> 10

```

ggcacgagga caaattctct ctctatcctc tgaatatctt tggtttgga actgagaagc 60
tattagatgg ctctagaagc gctcaactct cgcaccacag ctacgccggt gtttcactac 120
gacgacccca gcttgaatta ccttgagcca tggaccaagc gtaagcggtc caagcgtacg 180
cgcttagata gccccatacc gaggaagagt accttgcttt ctgcctcacc atgctcgctc 240
gtggccgcgt tgcctctgca aatcgacggg attctcagtc ttccattcag attcagcctg 300
aagcaacgac ttcggtacc aaagtcagtt ataagtgctc tgtgtgcat aaggcctttt 360
cgtcttatca ggctttgggt gggcacaagg ccagccacag aaagctcgct ggcggcgaag 420
atcaatcgac ttcctttgcc accacgaatt cagccaccgt cactaccacc acagcctccg 480
    
```

```

gaggtggtgg caggtctcat gagtgttcta tttgccacaa atcgttcccg actggccagg 540
ccttgggtgg tcacaagcgc tgccactacg aaggcagtat cggcggcaat agtattcacc 600
accacaacaa taccaccaac agcgggaagca acggtggcat gagcatgacc tccgaagtag 660
gttccacaca cacagtcagc cacagtcacc gtgacttcga tctcaacacc cggccttgc 720
cggagtttcg gtcgaatttc ttcatatccg gggatgacga ggtcgagagt cctcatccgg 780
ccaagaaacc cegtatattg atgaaataaa acatttctca agatcactga accaggcttt 840
agtttcttta taggaggaga tttaaaaaag tagtatctct ctttctttat ccgtaggata 900
attaatata ttcgtgtaca taaatttgta gttctttaac acactctggt tcattttctt 960
gctttgctca actttgtatt ggttatttca ttatgaaaat tcaatt 1006
    
```

10 <210> 11

<211> 247

<212> PRT

<213> Datisca glomerata

<400> 11

15

Met Ala Leu Glu Ala Leu Asn Ser Pro Thr Thr Ala Thr Pro Val Phe
 1 5 10 15

His Tyr Asp Asp Pro Ser Leu Asn Tyr Leu Glu Pro Trp Thr Lys Arg
 20 25 30

Lys Arg Ser Lys Arg Thr Arg Leu Asp Ser Pro His Thr Glu Glu Glu
 35 40 45

Tyr Leu Ala Phe Cys Leu Ile Met Leu Ala Arg Gly Arg Val Ala Ser
 50 55 60

Ala Asn Arg Arg Asp Ser Gln Ser Ser Ile Gln Ile Gln Pro Glu Ala
 65 70 75 80

Thr Thr Ser Ala Thr Lys Val Ser Tyr Lys Cys Ser Val Cys Asp Lys
 85 90 95

Ala Phe Ser Ser Tyr Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Ala Ser His Arg
 100 105 110

Lys Leu Ala Gly Gly Glu Asp Gln Ser Thr Ser Phe Ala Thr Thr Asn
 115 120 125

Ser Ala Thr Val Thr Thr Thr Thr Ala Ser Gly Gly Gly Gly Arg Ser
 130 135 140

His Glu Cys Ser Ile Cys His Lys Ser Phe Pro Thr Gly Gln Ala Leu
 145 150 155 160

Gly Gly His Lys Arg Cys His Tyr Glu Gly Ser Ile Gly Gly Asn Ser
 165 170 175

Ile His His His Asn Asn Thr Thr Asn Ser Gly Ser Asn Gly Gly Met
 180 185 190

Ser Met Thr Ser Glu Val Gly Ser Thr His Thr Val Ser His Ser His
 195 200 205

Arg Asp Phe Asp Leu Asn Ile Pro Ala Leu Pro Glu Phe Arg Ser Asn
 210 215 220

Phe Phe Ile Ser Gly Asp Asp Glu Val Glu Ser Pro His Pro Ala Lys
 225 230 235 240

Lys Pro Arg Ile Leu Met Lys
 245

<210> 12

<211> 996

<212> ADN

<213> Glycine max

5 <400> 12

aaaattctca	ctctctctct	catctcgaga	tcatagtatc	atattcaata	tcatttcata	60
ccaaacacat	ggctttggaa	gctctcaact	caccaacaac	aaccgctcca	tcttttcct	120
ttgacgacc	aactattcca	tgggcgaaac	gaaaacgttc	aaagcgttct	cgcgaccatc	180
cttctgaaga	agagtacctc	gccctctgcc	tcatcatgct	cgctcgcggc	ggcaccacca	240
ccgtcaacaa	ccgccacgtc	agccctccgc	cgctacagcc	acagccacag	ccgacaccag	300
atccttccac	caagctcagt	tacaaatgct	ccgtttgcga	caagagcttc	ccctcttacc	360
aagcgcctcg	tggacacaag	gccagtcacc	ggaaactcgc	cggcgccgcc	gaagaccaac	420
ccccagcac	caccacttcc	tccgcgcgcc	ccaccagctc	cgcctccgga	ggtaaggccc	480
atgagtgtc	catttgccac	aaatccttcc	ccaccggaca	ggcccttggc	ggacacaaac	540
gttgtcacta	cgaaggtaac	ggtaacggaa	ataacaacia	cagtaacagc	gttgtcaccg	600
tgcctcggga	aggcgtgggc	tccaccacaa	ctgtcagtca	cggccaccac	cgcgacttcg	660
atctcaacat	cccggccttt	ccggatTTTT	cgaccaaggt	cggagaagac	gaggttgaga	720
gccctcacc	tgtcatgaag	aagcctcgcc	tcttcgtcat	tcccaagatc	gaaatcccc	780
aatttcaatg	aactcgttga	atTTTTtagtt	tatTTTTtoga	ctatatattt	tggagaattt	840
tgagagttac	tataatttga	ttttgtacat	agtacttggga	agttttggtg	gaccgtaccg	900
gaccagttc	tctggttgag	gttgtacttt	cacaacagtg	gcagatttgc	aattcaattc	960
aatttatttg	tttattttaa	aaaaaaaaaa	aaaaaa			996

<210> 13

<211> 240

<212> PRT

10 <213> Glycine max

<400> 13

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

115

120

125

Thr Ser Ser Ala Ser Gly Gly Lys Ala His Glu Cys Ser Ile Cys His
 130 135 140
 Lys Ser Phe Pro Thr Gly Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Arg Cys His
 145 150 155 160
 Tyr Glu Gly Asn Gly Asn Gly Asn Asn Asn Ser Asn Ser Val Val
 165 170 175
 Thr Val Ala Ser Glu Gly Val Gly Ser Thr His Thr Val Ser His Gly
 180 185 190
 His His Arg Asp Phe Asp Leu Asn Ile Pro Ala Phe Pro Asp Phe Ser
 195 200 205
 Thr Lys Val Gly Glu Asp Glu Val Glu Ser Pro His Pro Val Met Lys
 210 215 220
 Lys Pro Arg Leu Phe Val Ile Pro Lys Ile Glu Ile Pro Gln Phe Gln
 225 230 235 240

<210> 14

5 <211> 1006

<212> ADN

<213> Medicago sativa

<400> 14

```

aattcggcac gagaaataac cacttctctc tcaaacctc cttttgcctt ttgcttctac    60
tttcacttgc gtaacgctaa ctaactcttc tcgagtgttc ttcttttcat catatggcta    120
tggaagcact taactcacc accactgcta ctctttcac accctttgag gaaccaaate    180
tgagttatct tgaaacaccg tggacgaaag gtaaacgata aaagcgttct cgcattggatc    240
aatcttcatg cactgaagaa gagtatctcg ctctttgtct catcatgctt gctcgcagcg    300
gtaacaacaa cgacaaaaag tctgattcgg tggcgacgcc gctaaccacc gttaaactca    360
gtcacaatg ctcaagtctgc aacaaagctt tctcatctta tcaagcccta ggtggacaca    420
aagccagtca ccggaaagct gttatgtccg caaccaccgc tgaagatcag atcaccacca    480
cttcatccgc cgtgactacc agctctgctt ccaacggtaa gaacaagact catgagtgtt    540
ccatctgtca caaatccttc cctactggac aggctttggg aggacacaag cgttgtcact    600
acgaaggcag cgttgggtgcc ggtgccgggtg ctggaagtaa cgctgtaact gcctctgaag    660
gagttggatt gtcacacagc caccaccgtg attttgatct taacctcccg gcttttccgg    720
acttttcaaa gaagtttttc gtggatgacg aggtttttag tcctttacct gctgcaaaga    780
agccctgtct tttcaagctg gaaattcctt ctcttactg atcaataata gatccaattt    840
tattgttatt attattaata attattatcg cttagggcat agttattttc ttttttcttt    900
caattatttc ggatcaattt gttctgtaca tacaattggg gattggtttt agaatttagg    960
acggttgtag acaatggaaa ttcaattcaa ttatttaatt ttgtgt    1006
    
```

5 <210> 15

<211> 235

<212> PRT

<213> Medicago sativa

<400> 15

```

Met Ala Met Glu Ala Leu Asn Ser Pro Thr Thr Ala Thr Pro Phe Thr
1           5           10           15
Pro Phe Glu Glu Pro Asn Leu Ser Tyr Leu Glu Thr Pro Trp Thr Lys
           20           25           30
    
```

10

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

<210> 16

<211> 1061

<212> ADN

5 <213> Nicotiana tabacum

<400> 16

```

ttttccctcg aatttgataa ctaaagagaa tattatgact cttgaagctt tgaagtcacc      60
tacggcggca acgccgactc taccaccacg ctatgaagat gatgatgaaa ttcataattt      120
ggattcttgg gctaaaggaa aacgatcaaa acggccccgt attgatgcc  caccgactga      180
agaagagtat ttagccctct gtctcatcat gctcgtcgc  agcggaaaccg gaaccagaac      240
cggtttaact gatgctacta cttcccaaca acctgccgat aaaaaaaccg ccgagttgcc      300
gccggttcat aagaaagagg tggcaacaga gcaagcagag caatcttaca agtgtagcgt      360
gtgtgacaag gctttttctt cttatcaagc actcggtggg cataaagcaa gtcaccgtaa      420
aactactact actgctaccg ccgcctctga tgataacaat cettcaactt caacttccac      480
tggcgccggt aatatctctg ctcttaatcc aactggtcgt tcacacgtct gttctatttg      540
ccacaaggct tttcctactg gccaaagcttt ggggtgggcac aagcgccgcc actatgaagg      600
caaaactcggg ggtaacagcc gcgacttagg cggcggcggc ggcggcggtc atagtggaag      660
cgtcttgact acttcagacg gcggcgcgct gactcacacg ctacgtgact ttgacctgaa      720

```

```

catgcctgct tcgccggaat tgcaactggg tctgagtatt gattgtggac ggaaaagtca      780
actggtgccg atggtccaag aggtggaaag tcctatgcct gcaaagaaac cgcgtttatt      840
gttttcgttg gggtgaaact tctttagggg aattgaattg attgtgtttt agccaaatta      900
gtaaattggt tcatgtgatt ttatTTTTtag gaaaaggaat tattgattgt tttaccggtt      960
tattccttagg gtggtattat gtacagggag tgaatcattc attggtttta cactttctta     1020
attatatatt cttttttttt acacataaaa aaaaaaaaaa a                               1061

```

<210> 17

<211> 273

5 <212> PRT

<213> Nicotiana tabacum

<400> 17

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

Ser Ile Asp Cys Gly Arg Lys Ser Gln Leu Leu Pro Met Val Gln Glu
 245 250 255

Val Glu Ser Pro Met Pro Ala Lys Lys Pro Arg Leu Leu Phe Ser Leu
 260 265 270

Gly

<210> 18

<211> 1213

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<400> 18

```

aattcggcac gaggccacac agcaaccagc cagctgccac actagcttga ggcgagcgag      60
cgaagcttag ctagcggata gaacaagtcg tcgatctgct tgctgctttt gtgaattgcg      120
gtggaagcat gtcgagcgcg tcgtccatgg aagcgtcca cgccgcggtg ctcaaggagg      180
agcagcagca gcacgaggtg gaggaggcga cggtcgtgac gagcagcagc gccacgagcg      240
gggaggaggg cggacacctg ccccaggggt gggcgaagcg gaagcggtcg cgccgccagc      300
gatcggagga ggagaacctc gcgctctgcc tcctcatgct cgcccgcggc ggccaccacc      360
gcgctccaggc gccgcctccg ctctcggett cggcgcccc gccggcaggt gcggagtcca      420
agtgctccgt ctgcggaag tccttcagct cctaccaggc gtcggcggc cacaagacga      480
gccaccgggt caagctgccg actccgcccc cagctcccgt cttggctccc gccccgctcg      540
ccgccttgct gccttccgcc gaggaccgcg agccagccac gtcatccacc gccgcgtcct      600
ccgacggcat gaccaacaga gtccacaggt gttccatctg ccagaaggag ttccccaccg      660
ggcagggcgt cggcgggcac aagaggaagc actacgacgg tggcgtaggc gccggcgccg      720
gcgcatcttc aaccgagctc ctggccacgg tggccgcca gtcgaggtg ggaagctccg      780
gcaacggcca gtccgccacc cgggcgttcg acctcaacct cccggccgtg ceggagttcg      840
tgtggcggcc gtgctccaag ggcaagaaga tgtgggacga ggaggaggag gtccagagcc      900
ccctcgctt caagaagccc cggcttctca ccgcgtaatt cagcagctgc acggatccga      960
tccgtcagag tttttgtcta gggagtgaat ttcagtcgaa acacactatt cgttgattcg     1020
ttttgtgccc ctattgttta atttgttctt gcttttgtac agagcaagcg agtgatacat     1080
agccatacat acagtcatac agatataggt ctagctcttc cttggttctt tgtaaacactg     1140
gaactgtacc tgtatctttt acactttggt ctttgacagt cataatattg agaccaaaaa     1200
aaaaaaaaaa aaa                                     1213
    
```

<210> 19

<211> 269

10 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 19

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

<210> 20

<211> 1020

<212> ADN

<213> Petunia x híbrida

5 <400> 20

```

ttcactcacc aaaacaactt ctctacctct tctacttgca cattcaaatt ctttcattac      60
tacttatctc tactaatctt gattegattt tagtaaatca aacaagagaa tcttttcagt      120
aatacaaaaca agaaaatttt ctctctatac ttgattgagt ttagtaaggc aaacaagaaa      180
actatcatgg cacttgaagc attgaattct ccaactacaa caacaccacc atcattccaa      240
tttgagaaca acgggcttaa gtacettgag agttggacaa aaggtaaaag atcaaaaagg      300
caacgcagca tggAACgaca gtgtactgaa gaagagtatt tagcactttg tcttatcatg      360
ctagcacgta gcgatggttc tgtaataaac tcacgggtctc taccaccacc accactacca      420
ccatcagttc cagtaacgtc gcaataaac gcgacgttat tggAACgaa gaatttgtac      480
aagtgttccg tttgtggtaa agggtttggg tcttatcaag ctttaggtgg acataaagca      540
agtcaccgga aacttgtcag catgggagga gatgaacaat ctactacttc cactactact      600
aacgtaacgg gaactagttc cgctaacggt aacggtaacg gaagaactca cgaatgttca      660
atitgtcaca agtgctttcc tactggacaa gctttagggtg gtcataaaag gtgccactat      720
gacgggtgta acggtaacgg taacggaagt gtaagtgttg gggtgacgtc atctgaaggt      780
gtgggggtcca ctattagtca tcaccgtgac tttgacttga atattcccgc gttgccggag      840
ttttggccgg gatttggttc cggcgaggat gaggtggaga gtcctcatcc agcaagaag      900

```

```

tcaaggctat ctctccacc taaacttgaa ttattcaaag gattatagag ggaatattga      960
tttgttacag gaagatttat taggattcac gaattttttg ttgactagtt tatgtaatat     1020

```

<210> 21

10 <211> 253

<212> PRT

<213> Petunia x híbrida

<400> 21

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

<210> 22

<211> 786

<212> ADN

<213> Triticum aestivum

<400> 22

atgtcgtcgt	cggccatgga	agcgctccac	gccctgatcc	cggagcagca	ccagctggac	60
gttgaggcgg	ctgctggctgt	cagcagcgcc	accagcggcg	aggagagcgg	ccacgtgctg	120
caggggtggg	ccaagaggaa	gcgatcgcgc	cgccagcget	ccgaggagga	gaacctcgcg	180
ctctgcctcc	tcatgctctc	gcgcggcggc	aagcagcgtg	ttcagggcgc	gcagccggag	240
tcgttcgctg	cgccgggtgcc	tgccgagttc	aagtgtccg	tctgctggcaa	gtccttcagc	300
tctaccagg	cgctcggagg	ccacaagacg	agccaccggg	tgaagcagcc	gtctcctccc	360
tctgatgccg	ctgctgcccc	actcgtggcc	ctcccggcgg	tcgcccgcct	cctgccgtcc	420
gccgagccgg	ccacgtcgtc	caccgcccgc	tcctccgacg	gcgcgaccaa	cagagtccac	480
aggtgctcca	tctgccaaaa	ggagttcccg	actgggcagg	cgctcggcgg	gcacaagagg	540
aagcactacg	acggaggcgt	gggcgcccgc	gcctcgtcga	ccgagcttct	ggccgcccgg	600
gccgccgagt	ctgaggtggg	gagcaccggc	aacgggagct	ccgccgcccg	ggccttcgac	660
ctgaacattc	cggccgtgcc	ggagttcgtg	tggaggccgt	gcgccaaagg	caagatgatg	720
tgggaggacg	atgaggaggt	gcagagcccc	ctcgccttca	agaagcctcg	gcttctcacc	780
gcttga						786

<210> 23

5 <211> 261

<212> PRT

<213> Triticum aestivum

<400> 23

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

				165						170						175
Gly	His	Lys	Arg	Lys	His	Tyr	Asp	Gly	Gly	Val	Gly	Ala	Ala	Ala	Ser	
			180					185					190			
Ser	Thr	Glu	Leu	Leu	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Glu	Ser	Glu	Val	Gly	Ser	
		195					200					205				
Thr	Gly	Asn	Gly	Ser	Ser	Ala	Ala	Arg	Ala	Phe	Asp	Leu	Asn	Ile	Pro	
	210					215					220					
Ala	Val	Pro	Glu	Phe	Val	Trp	Arg	Pro	Cys	Ala	Lys	Gly	Lys	Met	Met	
225					230					235					240	
Trp	Glu	Asp	Asp	Glu	Glu	Val	Gln	Ser	Pro	Leu	Ala	Phe	Lys	Lys	Pro	
				245					250						255	
Arg	Leu	Leu	Thr	Ala												
			260													

<210> 24

<211> 1026

<212> ADN

5 <213> Capsicum annum

<400> 24

```

aaaatcttcg ctacttactt acatcttcta gaatagtcac tagaaccagt aactttatac      60
aacggatatac gatatggcac ttgaagcttt gaattctcca actggtacac caactccgcc      120
accgtttcaa tttgagagcg acggccaaca gcttcgatat atcgaaaact ggaggaaggg      180
aaagagatct aaaaggtcac gcagcatgga gcaccagcct actgaggaag aatacttagc      240
gctttgtttg atcatgcttg cactagcggg tggctccggt aatcatcaac gatctctacc      300
accgccggct ccggtgatga aactgcacgc gccgtcgtca tcatcggcgg cggaggagga      360
gaaggagaag atggtgtata agtggtccgg ttgtggtaag ggatttgggt cttatcaagc      420
tttaggtgga cacaaagcta gtcaccggaa actcgtaccg gccggagatg atcagtcaac      480
tacctccaca accactaacg caaccggaac aacaacctcc gttaacggca acggcaacag      540
aagtggaagg actcacgagt gttcgatttg tcacaagtggt tttcccactg gacaagcttt      600
aggtggacac aaaaggtgtc actacgacgg cggtatcggg aacggaaacg ctaacagtgg      660
cgttagtgct agcgttgag tgacgtcatc ggagggtgtg ggggccacag tcagtcaccg      720
ggatttcgac ttgaacattc cggcgttgcc ggaattctgg ctgggatttg gttccggcga      780
agatgaggtg gagagtccac atccggcgaa gaaatcggg ttatgtttgc ctccaaaata      840
tgaattatth caacattaat ggggaatttga ttgttaggat ttactattht ggtagacaaa      900
attatactat gtaagthtth atthtcattg tgggtgggag caaaatthtth aatthtthtgt      960
ctatagacct agctagttac taatagcaaa aattcaattg attgattthaa aaaaaaaaaa     1020
aaaaaa                                           1026
    
```

<210> 25

<211> 261

10 <212> PRT

<213> Capsicum annum

<400> 25

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

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

<210> 26

<211> 1068

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 26

```

acttcaactct ctaatcttct tctctctatc tctcaccata ttcgcgatta aaaactctca    60
acttttctct caaatctctg atcctttgat ccaacagtta gaagaagatt catctgatca    120
tggccctcga agcgatgaac actccaactt cttctttcac cagaatcgaa acgaaagaag    180
atctgatgaa cgacgccgtt ttcattgagc cgtggcttaa acgcaaacgc tccaaacgtc    240
agcgttctca cagcccttct tcgtcttctt cctcaccgcc tcgatctcga cccaaatccc    300
agaatcaaga tcttacggaa gaagagtatc tcgctctttg tctctctcatg ctcgctaaag    360
atcaaccgtc gcaaacgcga tttcatcaac agtcgcaatc gttaacgccg ccgccagaat    420
caaagaacct tccgtacaag tgtaacgtct gtgaaaaagc gtttccttcc tatcaggctt    480

```

```

taggcggtca caaagcaagt caccgaatca aaccaccaac cgtaatctca acaaccgccg    540
atgattcaac agctccgacc atctccatcg tcgccggaga aaaacatccg attgctgcct    600
ccggaagat ccacgagtgt tcaatctgtc ataaagtgtt tccgacgggt caagctttag    660
gcggtcacia acgttgtcac tacgaaggca acctcggcgg cggaggagga ggaggaagca    720
aatcaatcag tcacagtgga agcgtgtcga gcacggatc ggaagaaagg agccaccgtg    780
gattcatcga tctaaaccta ccggcggttac ctgaactcag cttcatcac aatccaatcg    840
tcgacgaaga gatcttgagt ccggtgaccg gtaaaaaacc gcttttgttg accgatcacg    900
accaagtcac caagaaagaa gatttatctt taaaaatcta atactcgact attaattctt    960
gtgtgatttt tttcgttaca accatagttt cattttcatt tttttagtta caaatcttta   1020
attgttctga tttggattga atattggtat attgttaggg gttgatac                   1068

```

<210> 27

5 <211> 273

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 27

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

Leu Asn Leu Pro Ala Leu Pro Glu Leu Ser Leu His His Asn Pro Ile
 225 230 235 240

Val Asp Glu Glu Ile Leu Ser Pro Leu Thr Gly Lys Lys Pro Leu Leu
 245 250 255

Leu Thr Asp His Asp Gln Val Ile Lys Lys Glu Asp Leu Ser Leu Lys
 260 265 270

Ile

<210> 28

<211> 976

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 28

```

aatcaaatc ttttcattta caattatctt tctttctcaat ttagaactta gtagctagtc      60
ttcaagataa tggcacttga aactcttact tctccaagat tatcttctcc gatgccgact      120
ctgtttcaag attcagcact agggtttcat ggaagcaaag gcaaacgatc taagcgatca      180
agatctgaat tcgaccgtca gagtctcagc gaggatgaat atatcgcttt atgtctcatg      240
cttcttgctc gcgacggaga tagaaaccgt gaccttgacc tgccttcttc ttcgtcttca      300
cctcctctgc ttctcctctt tctactcctg atctacaagt gtagcgtctg tgacaaggcg      360
ttttcgtctt accaggctct tgggtggacac aaggcaagtc accggaaaag cttttcgctt      420
actcaatctg ccggaggaga tgagctgtcg acatcgtcgg cgataaccac gtctgggata      480
tccggtggcg ggggaggaag tgtgaagtcg cacgtttgct ctatctgtca taaatcgttc      540
gccaccggtc aagctctcgg cggccacaaa cggtgccact acgaaggaaa gaacggaggc      600
ggtgtgagta gtagcgtgtc gaattctgaa gatgtggggg ctacaagcca cgtcagcagt      660
ggccaccgtg ggtttgacct caacataccg ccgataccgg aattctcgat ggtcaacgga      720
gacgaagagg tgatgagtcc tatgccggcg aagaaactcc ggtttgactt cccggagaaa      780
ccctaaacat aaacctagga aaaactttac agaattcatt ttataggaaa ttgttttact      840
gtatatacaa atatcgattt tgattgatgt tcttcttcac tgaaaaatta tgattctttg      900
ttgtataaatt gatgtttctg aaaagatat aactttttat tgtttcacac gtatcaaaat      960
ttgcttggat acatca
    
```

<210> 29

<211> 238

10 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 29

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

<210> 30

<211> 718

5 <212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 30

```

atggetctcg acactctcaa ttctcccacc tccaccacca caaccaccgc tectcctcct      60
ttcctccggt gcctcgacga aaccgagccc gaaaacctcg aatcatggac caaaagaaaa      120
cgtacaaaac gtcaccgatat agatcaacca aaccctcctc cttctgaaga agagtatctc      180
gctctttgcc tccttatgct cgctcgtggc tcctccgata atcactctcc accgctcggat      240
catcactctc tttctccact gtccgatcat cagaaagatt acaagtgttc cgtctgtggc      300
aaatctttcc cgtcttacca agcgttagggt ggacacaaaa caagtcaccg gaaaccgggt      360
agtgtcgatg ttaataatag taacggaacc gttactaata acggaatat tagtaacggt      420
ttagttggtc aaagtgggaa gactcataac tgctctatat gttttaagtc gtttcctctc      480
ggccaagcat tgggtgggtca caaacgttgt cactatgatg gtggtaacgg taacagtaac      540
ggtgacaata gccacaagtt tgacctaaat ttaccggctg atcaagttag tgatgagaca      600
attggaaaaa gtcaactctc cggatgaagaa acaaagtcgg tgttgtgatt attattattt      660
tttaccgatc gggattagct agtggttgat cattagctga gtctgtaatg aaaatgat      718

```

<210> 31

<211> 215

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 31

```

Met Ala Leu Asp Thr Leu Asn Ser Pro Thr Ser Thr Thr Thr Thr Thr
1           5           10           15

```

Ala Pro Pro Pro Phe Leu Arg Cys Leu Asp Glu Thr Glu Pro Glu Asn
 20 25 30

Leu Glu Ser Trp Thr Lys Arg Lys Arg Thr Lys Arg His Arg Ile Asp
 35 40 45

Gln Pro Asn Pro Pro Pro Ser Glu Glu Glu Tyr Leu Ala Leu Cys Leu
 50 55 60

Leu Met Leu Ala Arg Gly Ser Ser Asp His His Ser Pro Pro Ser Asp
 65 70 75 80

His His Ser Leu Ser Pro Leu Ser Asp His Gln Lys Asp Tyr Lys Cys
 85 90 95

Ser Val Cys Gly Lys Ser Phe Pro Ser Tyr Gln Ala Leu Gly Gly His
 100 105 110

Lys Thr Ser His Arg Lys Pro Val Ser Val Asp Val Asn Asn Ser Asn
 115 120 125

Gly Thr Val Thr Asn Asn Gly Asn Ile Ser Asn Gly Leu Val Gly Gln
 130 135 140

Ser Gly Lys Thr His Asn Cys Ser Ile Cys Phe Lys Ser Phe Pro Ser
 145 150 155 160

Gly Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Arg Cys His Tyr Asp Gly Gly Asn
 165 170 175

Gly Asn Ser Asn Gly Asp Asn Ser His Lys Phe Asp Leu Asn Leu Pro
 180 185 190

Ala Asp Gln Val Ser Asp Glu Thr Ile Gly Lys Ser Gln Leu Ser Gly
 195 200 205

Glu Glu Thr Lys Ser Val Leu
 210 215

<210> 32

<211> 702

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 32

```

aaat ttttcta tagcaatggc gcttgaagct cttaattcac caagattggt cgaggatccc 60
ttaagattca atggcggtga gcagtggacc aaatgtaaga aacgatccaa acgttcgaga 120
tctgatcttc atcataacca ccgtctcact gaggaagagt atctagcttt ctgtctcatg 180
cttcttgctc gggatggcgg cgatcttgac tctgtgacgg ttgcggagaa gccgagtta 240
aagtgtggcg tttgttacia gacgttttcg tcttaccagg ctctcggcgg tcataaagcg 300
agccaccgga gcttatacgg tgggtggagag aatgataaat cgacaccatc caccgccgtg 360
aaatctcacg tttgttcggt ttgcgggaaa tctttcgcca ccggtcaagc tctcggcggc 420
cacaagcggg gccactacga tgggtggcgtt tcgaactcgg aagggtgtggg gtctactagc 480
cacgtcagca gtagtagcca ccgtggattt gaccttaata ttataccggt gcagggattt 540
tcgccggacg acgaagtgat gagtccgatg gcgactaaga agcctcgcct gaagtaagtc 600
tttgttgaag acctggaagt ttatcaaagt taaatatcaa atttcaattt caaggaacag 660
ttttgttgat tctattacca atacacaata cgattcaatt cc 702

```

<210> 33

<211> 193

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 33

Met Ala Leu Glu Ala Leu Asn Ser Pro Arg Leu Val Glu Asp Pro Leu
 1 5 10 15

Arg Phe Asn Gly Val Glu Gln Trp Thr Lys Cys Lys Lys Arg Ser Lys
 20 25 30

Arg Ser Arg Ser Asp Leu His His Asn His Arg Leu Thr Glu Glu Glu
 35 40 45

Tyr Leu Ala Phe Cys Leu Met Leu Leu Ala Arg Asp Gly Gly Asp Leu
 50 55 60

Asp Ser Val Thr Val Ala Glu Lys Pro Ser Tyr Lys Cys Gly Val Cys
 65 70 75 80

Tyr Lys Thr Phe Ser Ser Tyr Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Ala Ser
 85 90 95

His Arg Ser Leu Tyr Gly Gly Gly Glu Asn Asp Lys Ser Thr Pro Ser
 100 105 110

Thr Ala Val Lys Ser His Val Cys Ser Val Cys Gly Lys Ser Phe Ala
 115 120 125

Thr Gly Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Arg Cys His Tyr Asp Gly Gly
 130 135 140

Val Ser Asn Ser Glu Gly Val Gly Ser Thr Ser His Val Ser Ser Ser
 145 150 155 160

Ser His Arg Gly Phe Asp Leu Asn Ile Ile Pro Val Gln Gly Phe Ser
 165 170 175

Pro Asp Asp Glu Val Met Ser Pro Met Ala Thr Lys Lys Pro Arg Leu
 180 185 190

Lys

<210> 34

<211> 1157

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 34

cacacttcac	tcttttctca	tcttcttctt	cttaaatagc	tcgaaatcac	atctcacaga	60
attaaatctt	atggctctcg	agactctcaa	ttctccaaca	gtaccacca	ccgctcggcc	120
tcttctcggg	tatcgtgaag	aaatggagcc	tgagaatctc	gagcaatggg	ctaaaagaaa	180
acgaacaaaa	cgtcaacggt	ttgatcacgg	tcatcagaat	caagaaacga	acaagaacct	240
tccttctgaa	gaagagtatc	tcgctctttg	tctcctcatg	ctcgcctcgtg	gctccgccgt	300
acaatctcct	cctcttctc	ctctaccgtc	acgtgcgtca	ccgtccgatc	accgagatta	360
caagtgtacg	gtctgtggga	agtccttttc	gtcataccea	gccttaggtg	gacacaagac	420

gagtcaccgg	aaaccgacga	acactagtat	cacttccggt	aaccaagaac	tgtctaataa	480
cagtcacagt	aacagcgggt	ccgttggtat	taacgttacc	gtgaacactg	gtaacgggtg	540
tagtcaaagc	ggaaagattc	acacttgctc	aatctgtttc	aagtcgtttg	cgtctgggtca	600
agccttaggt	ggacacaaac	ggtgtcacta	tgacgggtgg	aacaacggta	acggtaacgg	660
aagtagcagc	aacagcgtag	aactcgtcgc	tggtagtgac	gtcagcgatg	ttgataatga	720
gagatgggcc	gaagaaagtg	cgatcgggtg	ccaccgtgga	tttgacctaa	acttaccggc	780
tgatcaagtc	tcagtgacga	cttcttaacg	ttgactgagt	ttgaggaaaa	agtcaactat	840
caagcgaaga	aagggttagt	ggacggtgaa	gattaacggt	cgtttctttc	cagttgcttc	900
ggtttgagct	tgactgggtc	tgtaatgaaa	atgattggag	tggacttggc	attattatta	960
ttatTTTTAA	aaagaaatgt	taatttgttg	ttggatttgt	ttatagatag	aggaaacaat	1020
tgggatacac	aaatattttt	tttttttaca	aagaaaataa	taatgcagag	atggatgatt	1080
ggatcgtaca	cgttattata	tagtggacca	ttctgtaatc	gtgaattatt	attattttgt	1140
agaaatttaa	ttttcgt					1157

<210> 35

<211> 245

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 35

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

<210> 36

<211> 1213

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 36

```

aattcggcac gaggccacac agcaaccage cagctgccac actagcttga ggcgagcgag      60
cgaagcttag ctagecggata gaacaagtcg tcgatctgct tgctgctttt gtgaattgcg      120
gtggaagcat gtcgagcgcg tcgtccatgg aagcgtcca cgccgcggtg ctcaaggagg      180
agcagcagca gcacgaggtg gaggaggcga cggtcgtgac gagcagcagc gccacgagcg      240
gggaggaggg cggacacctg ccccaggggt gggcgaagcg gaagcggtcg cgccgccage      300
gatcggagga ggagaacctc gcgctctgcc tcctcatgct cgccgcgggc ggccaccacc      360
gcgtccaggc gccgcctccg ctctcggctt cggcgcccc gccggcaggt gcgaggttca      420
agtgtccgt ctgctggcaag tccttcagct cctaccaggc gctcggcggc cacaagacga      480
gccaccgggt caagctgccg actccgcccg cagctcccgt cttggctccc gcccccgctg      540
ccgccttget gccttccgcc gaggaccgcy agccagccac gtcattccacc gccgcgtcet      600
ccgaeggcac gaccaacaga gtccacaggt gtccatctg ccagaaggag tccccaccg      660
ggcagggcgt cggcggggcac aagaggaagc actacgacgg tggcgtaggc gccggcgccg      720
gcgcatcttc aaccgagctc ctggccacgg tggecgccga gtccgaggtg ggaagctccg      780
gcaacggcca gtccgccacc cggcggttcg acctcaacct cccggccggtg ccggagttcg      840
tgtggcgccc gtgctccaag ggcaagaaga tgtgggacga ggaggaggag gtccagagcc      900
ccctgcctt caagaagccc cggcttctca ccgcgtaatt cagcagctgc acggatccga      960
tccgtcagag tttttgtcta gggagtgaaa ttcagtcgaa acacactatt cgttgattcg     1020
tttgtgccc ctattgttta atttgttctt gctttgtac agagcaagcg agtgatacat     1080
agccatacat acagtcatac agatataggt ctagctcttc cttggttctt tgtaacactg     1140
gaactgtacc tgtatctttt acactttggt ctttgacagt catatattgt agaccaaaaa     1200
aaaaaaaaa aaa                                                                1213
    
```

5 <210> 37

<211> 269

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 37

```

Met Ser Ser Ala Ser Ser Met Glu Ala Leu His Ala Ala Val Leu Lys
1          5          10          15

Glu Glu Gln Gln Gln His Glu Val Glu Glu Ala Thr Val Val Thr Ser
20          25          30

Ser Ser Ala Thr Ser Gly Glu Glu Gly Gly His Leu Pro Gln Gly Trp
35          40          45

Ala Lys Arg Lys Arg Ser Arg Arg Gln Arg Ser Glu Glu Glu Asn Leu
50          55          60

Ala Leu Cys Leu Leu Met Leu Ala Arg Gly Gly His His Arg Val Gln
65          70          75          80
    
```

10

Ala Pro Pro Pro Leu Ser Ala Ser Ala Pro Pro Pro Ala Gly Ala Glu
85 90 95

Phe Lys Cys Ser Val Cys Gly Lys Ser Phe Ser Ser Tyr Gln Ala Leu
100 105 110

Gly Gly His Lys Thr Ser His Arg Val Lys Leu Pro Thr Pro Pro Ala
115 120 125

Ala Pro Val Leu Ala Pro Ala Pro Val Ala Ala Leu Leu Pro Ser Ala
130 135 140

Glu Asp Arg Glu Pro Ala Thr Ser Ser Thr Ala Ala Ser Ser Asp Gly
145 150 155 160

Met Thr Asn Arg Val His Arg Cys Ser Ile Cys Gln Lys Glu Phe Pro
165 170 175

Thr Gly Gln Ala Leu Gly Gly His Lys Arg Lys His Tyr Asp Gly Gly
180 185 190

Val Gly Ala Gly Ala Gly Ala Ser Ser Thr Glu Leu Leu Ala Thr Val
195 200 205

Ala Ala Glu Ser Glu Val Gly Ser Ser Gly Asn Gly Gln Ser Ala Thr
210 215 220

Arg Ala Phe Asp Leu Asn Leu Pro Ala Val Pro Glu Phe Val Trp Arg
225 230 235 240

Pro Cys Ser Lys Gly Lys Lys Met Trp Asp Glu Glu Glu Glu Val Gln
245 250 255

Ser Pro Leu Ala Phe Lys Lys Pro Arg Leu Leu Thr Ala
260 265

<210> 38

<211> 528

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 38

```

atgaagagag accggtccga ttacgaagaa tccatgaagc atatagacat agtagaaagt      60
ctaattgatgt tatctcgaag tttcgtggtc aaacaaatcg atgtaaagca atctaccgga      120
agcaaaaacga accataataa ccaacttcgaa tgcaaaaacgt gtaaccggaa atttgattcc      180
ttccaagctc ttggagggtca tagagctagc cacaagaaac ctaagctgat cgttgaccaa      240
gaacaggtga agcatcgtaa caaagagaat gatatgcata agtgtacaat ttgcatcaa      300
atgtttggga ccggtcaagc tctaggcggg cacatgagaa agcataggac gagcatgata      360
accgagcaat cgattgtccc ttctgtgggt tattccagac cggtttttaa tcgttgcagt      420
agcagcaagg agatcttggg cttaaactca actccattgg aaaatgatct tgtgttaatc      480
tttgggaaga atttggttcc acaaattgat ttgaagtttg tgaattag      528

```

<210> 39

<211> 175

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 39

```

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

```

<210> 40

<211> 820

<212> ADN

<213> Saccharum officinarum

<220>

5 <221> característica nueva

<222> (406)..(406)

<223> n puede ser cualquier nucleótido

<220>

<221> característica nueva

10 <222> (581)..(582)

<223> n puede ser cualquier nucleótido

<220>

<221> característica nueva

<222> (589)..(589)

15 <223> n puede ser cualquier nucleótido

<400> 40

```

      - - - - -
cctaaccagc attagctttt caaatcaaca agcctcgccg tgaccgatcg atggccatca      60
cccacgacga ctacgtctcc ctctgctca tggcgctcgc agccgcggga ggcggaggcc      120
    
```

```

aagctggttt aacaacgcag tacgctctga acacggctgc ctggacagcg acggcgcaag      180
agtccgagct cgccttccgg tgctccgtct gtggcaaggc ctcgcgctcg caccaggcac      240
tgggcgggca caaggccagc caccgcaage cgacgctcgt acaggcacat gcgctcgtcct      300
cagccggagg cgcggcgctc tcgctcggtaa caatgacctc ggccgtaggc agcagtgggc      360
aggggaggca caggtgcacg gtgtgccatc ggagcttcgc gacggngcaa gcgctcggcg      420
ggcacaagag gtgccattac tgggacgggc tctcgggtgc gtcaccgcgc tcgctcggcgc      480
catcggggtc cgggtcgacc gtcaagggct ttgatctgaa tttggtgccg gtgccgcccc      540
cgatggccgc caacgctgcg acaagggtgg gagaggagaa nnaagtcana aacccttggc      600
ggtcaagaga aggcggcttg ccggtccgtc ttggacccta atttaacgat ttagaagtcc      660
tttttttaat aattaagagt tcttttgaag aaggttgtaa agttttcgaa cettgttctt      720
ttaatggatt tgggtgctgg cgaaatttta aaactggatt taaatttgcg ctcactcttt      780
ttttttattt ttacacctt tttttttttt tagaagaaga      820
    
```

<210> 41

20 <211> 1509

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 41

```

ttcctttctc ttcctctctc tctctcttca coactgactga tccttattec aattttctca 60
cagactgggt caagtctaact ccttttcacc attaccctaa ttctctccact aaccctctc 120
ctcatcctct tctctctggt actctctcct ctctcttctt ctctctccct caatccggag 180
acctccgccc tccaccgccc ccaccaactc ctctctcttc tcctctctc cgagaagccc 240
tccctctcct cagctcagc cccgccaaca aacaacaaga ccaccatcac aaccatgacc 300
accttattca agaaccacct tcaacctcca tggatgtcga ctacgatcat caccatcaag 360
atgatcatca taacctcgat gacgatgacc atgacgtcac cgttgctctt cacataggcc 420
ttccaagccc tagtgctcaa gagatggcct ctttgctcat gatgtctctt tcttctctt 480
cctcgaggac cactcatcat cacgaggaca tgaatcacia gaaagacctc gaccatgagt 540
acagccacgg agctgtcgga ggaggagaag atgacgatga agattcagtc ggccggagacg 600
gccgctgtag aatcagcaga ctcaacaagg gtcaatattg gatccctaca ccttctcaga 660
ttctcattgg ccctactcag ttctcatgtc ctgtttgctt caaaacctc aacagataca 720
ataacatgca gatgcatatg tggggacatg gatcacaata cagaaaagga cctgaatctc 780
taaggggaac acaaccaaca ggaatgctaa ggcttccgtg ctattgctgc gccccaggct 840
gtcgcaacaa cattgacat ccaagggcaa agcctctcaa agacttcaga acccttcaaa 900
cacattacaa gagaaaacat gggatcaaac ctttcatgtg taggaaatgt ggaaaggctt 960
tcgcagtcag aggggactgg agaacacatg agaagaattg tggcaaactt tggattgca 1020
tatgtggatc tgatttcaag cacaagagat ctctcaaaga tcacatcaag gcttttggga 1080
atggtcatgg agcctacgga attgatgggt ttgatgaaga agatgagcct gcctctgagg 1140
tagaacaatt agacaatgat catgagtcaa tgcagtctaa atagcttata tatattacta 1200
taagtactaa gtaattcggg atatatatta attataagaa acctaaatct atggaccaag 1260
ttttgatgga ggtagggtt ttcaaactaa aagctatctc atctaattga tcataggaaa 1320
aaaatgaatc aagagcactt ggaaaatctt aaattgtatc tttagcttcc tagttaaatt 1380
tattgcaaga caatgtagca gtctaaccaa tgaggttccc aacggtttat ttctattgtt 1440
atattattt gtcattagct tcacctttcg ttaattcgaa ggacataact tataaatggt 1500
taaattatg

```

<210> 42

<211> 383

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 42

```

Met Thr Asp Pro Tyr Ser Asn Phe Phe Thr Asp Trp Phe Lys Ser Asn
1          5          10          15
Pro Phe His His Tyr Pro Asn Ser Ser Thr Asn Pro Ser Pro His Pro
          20          25          30

```

Leu Pro Pro Val Thr Pro Pro Ser Ser Phe Phe Phe Phe Pro Gln Ser
 35 40 45

Gly Asp Leu Arg Arg Pro Pro Pro Pro Pro Thr Pro Pro Pro Ser Pro
 50 55 60

Pro Leu Arg Glu Ala Leu Pro Leu Leu Ser Leu Ser Pro Ala Asn Lys
 65 70 75 80

Gln Gln Asp His His His Asn His Asp His Leu Ile Gln Glu Pro Pro
 85 90 95

Ser Thr Ser Met Asp Val Asp Tyr Asp His His His Gln Asp Asp His
 100 105 110

His Asn Leu Asp Asp Asp Asp His Asp Val Thr Val Ala Leu His Ile
 115 120 125

Gly Leu Pro Ser Pro Ser Ala Gln Glu Met Ala Ser Leu Leu Met Met
 130 135 140

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Arg Thr Thr His His His Glu Asp Met
 145 150 155 160

Asn His Lys Lys Asp Leu Asp His Glu Tyr Ser His Gly Ala Val Gly
 165 170 175

Gly Gly Glu Asp Asp Asp Glu Asp Ser Val Gly Gly Asp Gly Gly Cys
 180 185 190

Arg Ile Ser Arg Leu Asn Lys Gly Gln Tyr Trp Ile Pro Thr Pro Ser
 195 200 205

Gln Ile Leu Ile Gly Pro Thr Gln Phe Ser Cys Pro Val Cys Phe Lys
 210 215 220

Thr Phe Asn Arg Tyr Asn Asn Met Gln Met His Met Trp Gly His Gly
 225 230 235 240

Ser Gln Tyr Arg Lys Gly Pro Glu Ser Leu Arg Gly Thr Gln Pro Thr
 245 250 255

Gly Met Leu Arg Leu Pro Cys Tyr Cys Cys Ala Pro Gly Cys Arg Asn
 260 265 270

Asn Ile Asp His Pro Arg Ala Lys Pro Leu Lys Asp Phe Arg Thr Leu
 275 280 285

Gln Thr His Tyr Lys Arg Lys His Gly Ile Lys Pro Phe Met Cys Arg
 290 295 300

Lys Cys Gly Lys Ala Phe Ala Val Arg Gly Asp Trp Arg Thr His Glu
 305 310 315 320

Lys Asn Cys Gly Lys Leu Trp Tyr Cys Ile Cys Gly Ser Asp Phe Lys
 325 330 335

His Lys Arg Ser Leu Lys Asp His Ile Lys Ala Phe Gly Asn Gly His

			340						345					350			
	Gly	Ala	Tyr	Gly	Ile	Asp	Gly	Phe	Asp	Glu	Glu	Asp	Glu	Pro	Ala	Ser	
			355					360					365				
	Glu	Val	Glu	Gln	Leu	Asp	Asn	Asp	His	Glu	Ser	Met	Gln	Ser	Lys		
		370					375					380					

<210> 43

<211> 1303

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 43

```

atctacacac tactactcac atctcatctc tctctagcac atacccatca aaccatatag      60
atacggtgct tttattcttg atcttcttct tcttctttgt cttctectca gagtcatgct    120
taatccagct tgttegaatc tcttcaacaa tggatgtgac cataatagct tcaactattc    180
cacttctctc tcttacattt acaactctca cggtagctac tattactcta ataccacaaa    240
ccctaattac attaatcata ctcataccac ttccaacttc cctaactcac ccccactaag    300
agaagctctt cctcttctta gcttaagccc cataaggcac caagaacaac aagaccaaca    360
ctatttcatg gacacccatc aaattagctc ttcaaacttt cttgatgatc ctcttgtgac    420
tgtggatctt catctagggt taccaaacta cgggtttggt gagagcatta ggagcaatat    480
tgctcctgat gcaaccacgg acgagcaaga tcaagatcat gaccgaggag tagaagtcac    540
agttgagatc caccttgatg atgatgatga tcatcatgga gatctacaca gaggtcatca    600
ctattggatt cctactcctt ctcagatctt gattggctct acacagttca cttgtcctct    660
ttgcttcaag acattcaaca gatacaacaa catgcagatg cacatgtggg gacacggctc    720
acaatacaga aagggaccag aatccttaag aggaacccaa ccaacaggaa tgctaagact    780
accatgtttc tgctgtgcac ccggttgcaa gaacaacatt gaccacccac gagccaagcc    840
tcttaaggac tttcgaaccc tccaaacaca ttacaaacgt aaacatgggt ctaaaccatt    900
tgcttctcgt atgtgtggta aggcctttgc agtgaaagga gattggagaa cgcatgagaa    960
gaattgtgga aagctttggt attgetcttg tggctcggat ttttaagcaca agaggtcgct   1020
taaggaccat gtcaaggcct ttggaaatgg tcatgttcct tgtgggattg atagttttgg   1080
aggagatcat gaggactact atgatgctgc ttctgatatc gagcaataag atgatagcaa   1140
caacaatgag tgtaattag gggttttggt ttttttctct ctcatgcatt agttgattgt   1200
atgcacgtgt tctttagttt tgttcttcgg atctttgttt ttttttgttt tgagctgttt   1260
tttttttaat tactaagaag ttaattatca tctaaagatt ttc                          1303

```

<210> 44

<211> 337

10 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 44

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

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

Gln

<210> 45

<211> 495

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 45

atggttgcca gaagtgagga agttgagata gtggaagata cggcggcgaa atgtttgatg 60

ttgttatcaa	gagttggaga	atgcggcgga	ggaggagaga	aacgagtttt	ccgatgcaag	120
acttgtctta	aagagttttc	gtcgtttcaa	gctttgggag	gtcatcgtgc	aagccacaag	180
aaactcatta	acagtagcga	tccatcactt	cttggatcct	tgtctaaca	gaaaactaaa	240
acggcgacgt	ctcatccttg	tccgatatgt	ggcgtggagt	ttccgatggg	gcaagctctt	300
ggtggtcaca	tgaggagaca	taggagtgag	aaagcctcac	caggcacgtt	ggttacacgt	360
tcttttttac	cggagacgac	gacggtgacg	actttgaaaa	aatcgagtag	tgggaagaga	420
gtggcttggt	tggaactaga	ttcgatggag	agtttagtca	attggaagtt	ggagttggga	480
agaacgattt	cttga					495

5

<210> 46

<211> 164

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 46

```

Met Val Ala Arg Ser Glu Glu Val Glu Ile Val Glu Asp Thr Ala Ala
1          5          10          15

Lys Cys Leu Met Leu Leu Ser Arg Val Gly Glu Cys Gly Gly Gly Gly
          20          25          30

Glu Lys Arg Val Phe Arg Cys Lys Thr Cys Leu Lys Glu Phe Ser Ser
          35          40          45

Phe Gln Ala Leu Gly Gly His Arg Ala Ser His Lys Lys Leu Ile Asn
          50          55          60

Ser Ser Asp Pro Ser Leu Leu Gly Ser Leu Ser Asn Lys Lys Thr Lys
65          70          75          80

Thr Ala Thr Ser His Pro Cys Pro Ile Cys Gly Val Glu Phe Pro Met
          85          90          95

Gly Gln Ala Leu Gly Gly His Met Arg Arg His Arg Ser Glu Lys Ala
          100          105          110

Ser Pro Gly Thr Leu Val Thr Arg Ser Phe Leu Pro Glu Thr Thr Thr
          115          120          125

Val Thr Thr Leu Lys Lys Ser Ser Ser Gly Lys Arg Val Ala Cys Leu
          130          135          140

Asp Leu Asp Ser Met Glu Ser Leu Val Asn Trp Lys Leu Glu Leu Gly
145          150          155          160

Arg Thr Ile Ser

```

<210> 47

<211> 1209

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 47

```

atggaagacg aacatcaaga tctccataaa cccattaatg gagctttgcg agacctcaag      60
attactcggc cacagaaaga aacagaaaag tctacgaacc aacagcaaga tgttacttgt      120
tactatggtc taagggaaaa ctcgaagaag aaaaccagg aatctccgga accaatgaag      180
aagattttgt ttcgatgcga agaatgtgga aaagggtttc ggtacgagaa atattttaag      240

```

```

aatcatcgct cgatgatgca tttatcgccg aacgagaagg tttgtgaaga atccttgatg 300
actctgtctc gtagccttgg gtttgtgaag aagaagaaaa gatcaagact tggtaggtct 360
gggaagactt tatttactac gtttcttgaa ccgagttcta tttttgatgc gactgatgaa 420
gaattagaag tggcggattg tttgattcta ttgtctaaga gtgctcccaa ggtttagac 480
gaattgaaaa gtctttctga ggcagtacgt gttactcctg aaacacctga aagtagctat 540
gatttgggtt gtttgctcaa caagaaaccg agaaaaggtg gtgaattgga atctgggggtt 600
ttaagtaatg agcaaagact tatggaagaa gggtttagta gttatggaac atcgaagaa 660
ccagctagct tcttgagaga cgaaaacaga ttggatcagc agaaacggag aaaagatggt 720
gaatttgaat ccggactttt gagtaatgag caagactgc tagaagaaga gattactact 780
cctgtgacat tcaaaggctc agcgagttcc ttgagacaca agtgtgcttt ggatcgaat 840
ggaggtgaat ttggtcctga gtttttgagt aatgagcaa cactgatgga agaaacatgg 900
aaagaaccag tgagtttctt agaagataag catgaatttg atcagcggaa aatgcgagaa 960
gctggcgact ttgaatctag gttttacaga attgagcttg gagtaggagc tatggagtgt 1020
acttcttcag atactgatat gctcacgcaa tctgataaga agaacgttga gcatcgatgc 1080
aggttgtgca acaagatatt ctcgctttat caagctctag ggggtcatca gacgtttcat 1140
cggatgagca aatgtaagaa caagaagaat ggcatagagg aatcagttga acccaggatg 1200
actctgtga 1209

```

<210> 48

<211> 402

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 48

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

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

Thr Leu

<210> 49

<211> 1087

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 49

cttgtagtt	cactccacat	aataaacacc	aaagatttca	ttcttttctc	cataatttcg	60
aagtttcttg	aattggggtt	gtttcttgat	ttgtttcttg	aattggggtt	tggttcttct	120
ttcttactat	atttggatat	gatgatgggt	caagatgagg	ttgggagtga	tcagacgcaa	180
atcataaaag	ggaaacgtac	gaagcgacaa	agatcgtctt	cgacgtttgt	ggtgacggcg	240
gcgacaacag	tgacttcaac	aagttcatcg	gccggtggaa	gtggaggaga	aagagctggt	300
tcagatgaat	acaactcggc	ggtttcgtct	ccggtgacta	ctgattgtac	gcaagaagaa	360
gaagacatgg	cgatttgtct	catcatgtta	gctcgtggga	cagttcttcc	atcgccggat	420
ctcaagaact	cgagaaaaat	tcatcagaag	atttcgtcgg	agaattctag	tttctatgtg	480

tacgagtgta	aaacgtgtaa	ccggacgttt	tcgtcgttcc	aagcaacttg	tggacacaga	540
gcgagccaca	agaagccgag	gacgtcgact	gaggaaaaga	ctagactacc	cctgacgcaa	600
cccaagtcta	gtgcatcaga	agaagggcaa	aacagtcatt	tcaaagtttc	cggctcagcc	660
ctagettcac	aggcaagtaa	catcatcaac	aaggcaaaca	aagtacacga	gtgttccatc	720
tgcggttctg	agttcacttc	cgggcaagct	ctcggtggtc	acatgaggcg	gcacaggaca	780
gccgtaacca	cgattagccc	cgttgcagcc	accgcagaag	taagcagaaa	cagtacagag	840
gaagagattg	agatcaatat	aggccgttcg	atggaacagc	agaggaaata	tctaccgttg	900
gatcttaatc	taccagcacc	aggagatgat	ctaagagagt	ccaagtttca	agggatagta	960
ttctcagcaa	caccagcgtt	aatagattgt	cattactagt	tgtttttttt	actacataat	1020
atgatgaaat	atttgtgaat	tcttcttact	tactactata	ttgttgatca	aaaaaaaaaa	1080
aaaaaaa						1087

<210> 50

<211> 284

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 50

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

210					215					220					
Glu	Val	Ser	Arg	Asn	Ser	Thr	Glu	Glu	Glu	Ile	Glu	Ile	Asn	Ile	Gly
225					230					235					240
Arg	Ser	Met	Glu	Gln	Gln	Arg	Lys	Tyr	Leu	Pro	Leu	Asp	Leu	Asn	Leu
				245					250					255	
Pro	Ala	Pro	Gly	Asp	Asp	Leu	Arg	Glu	Ser	Lys	Phe	Gln	Gly	Ile	Val
			260					265					270		
Phe	Ser	Ala	Thr	Pro	Ala	Leu	Ile	Asp	Cys	His	Tyr				
		275					280								

REIVINDICACIONES

- 5 1. Método para incrementar la biomasa por encima del suelo, el rendimiento de semilla, el rendimiento de las raíces, la superficie de las hojas y/o la prolongación de la fase de crecimiento vegetativo de una planta con relación a las correspondientes plantas de tipo silvestre, que comprende incrementar la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2, en donde dicho incremento en la expresión se efectúa por medio de la introducción en una planta de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc 2xC2H2.
2. Método de acuerdo a la reivindicación 1, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 contiene un motivo QALGGH.
- 10 3. Método de acuerdo a la reivindicación 1, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 contiene un motivo NNM(W)QMH.
4. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 contienen un motivo EAR.
- 15 5. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 comprende además una caja B.
6. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 comprende además una caja L.
- 20 7. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 se deriva de una planta dicotiledónea, preferiblemente de la familia *Brassicaceae*, preferiblemente además de *Arabidopsis thaliana*, más preferiblemente el ácido nucleico codifica una proteína representada por la SEQ ID NO 2 y/o en donde dicho ácido nucleico está representado por la SEQ ID NO: 1.
- 25 8. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en donde dicha proteína con dedos de zinc 2xC2H2 tiene, en orden creciente de preferencia, por lo menos 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38% , 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 52%, 54%, 56%, 58%, 60%, 62%, 64%, 66%, 68%, 70%, 72%, 74%, 76%, 78%, 80%, 82%, 84%, 86%, 88%, 90%, 92%, 94%, 96%, 98% de identidad de secuencia con la secuencia de la SEQ ID NO 2.
9. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, en donde dicha planta es una monocotiledónea.
- 30 10. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, en donde dicha planta se selecciona de entre arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, avena, centeno, sorgo, soja, girasol, canola, caña de azúcar, alfalfa, leguminosas (frijol, guisantes), lino, lupino, colza, tabaco, tomate, patata, calabacín, papaya, álamo y algodón.
11. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10, en donde dicho ácido nucleico introducido en una planta es una variante alternativa de empalme de un ácido nucleico que codifica una proteína 2xC2H2 como la definida en cualquiera de las reivindicaciones 2 a 8.
- 35 12. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 11, en donde dicho ácido nucleico introducido en una planta es una variante alélica de un ácido nucleico que codifica una proteína 2xC2H2 como la definida en cualquiera de las reivindicaciones 2 a 8.
13. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 12, en donde dicho ácido nucleico introducido en una planta es parte de un cromosoma.
- 40 14. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 13, en donde la expresión de dicho ácido nucleico es promovida por un promotor de una planta, preferiblemente un promotor constitutivo, tal como un promotor GOS2.
15. Método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 13, en donde la expresión de dicho ácido nucleico es promovida por un promotor de una planta, de preferencia un promotor preferido de un tejido, tale como un promotor preferido de la semilla.
- 45 16. Método para la producción de una planta transgénica que tiene mayor biomasa por encima del suelo, un mayor rendimiento de semilla, un mayor rendimiento de raíces, una mayor área de la superficie de las hojas y/o un crecimiento vegetativo prolongado, cuyo método comprende
- (i) la introducción en una planta o en una célula de una planta de un ácido nucleico para el dedo de zinc 2xC2H2 que

codifica una proteína con dedos de zinc $2 \times C_2H_2$;

(ii) El cultivo de la planta o de la célula de la planta bajo condiciones que promuevan el crecimiento de la planta.

- 5 17. El uso de un ácido nucleico que codifica una proteína $2 \times C_2H_2$ para incrementar la biomasa por encima del suelo, un mayor rendimiento de semilla, un mayor rendimiento de raíces, una mayor área de la superficie de las hojas y/o para prolongar el crecimiento vegetativo, que comprende la introducción en una planta de un ácido nucleico que codifica una proteína con dedos de zinc $2 \times C_2H_2$.

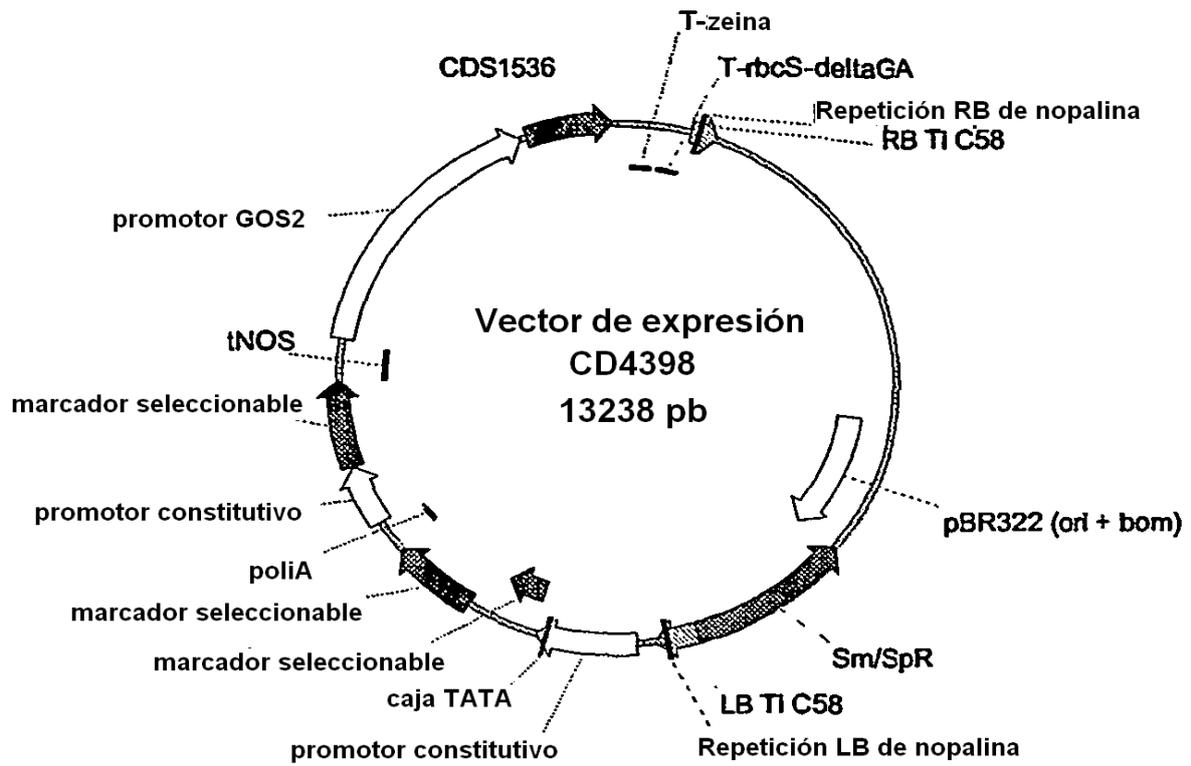


FIGURA 1

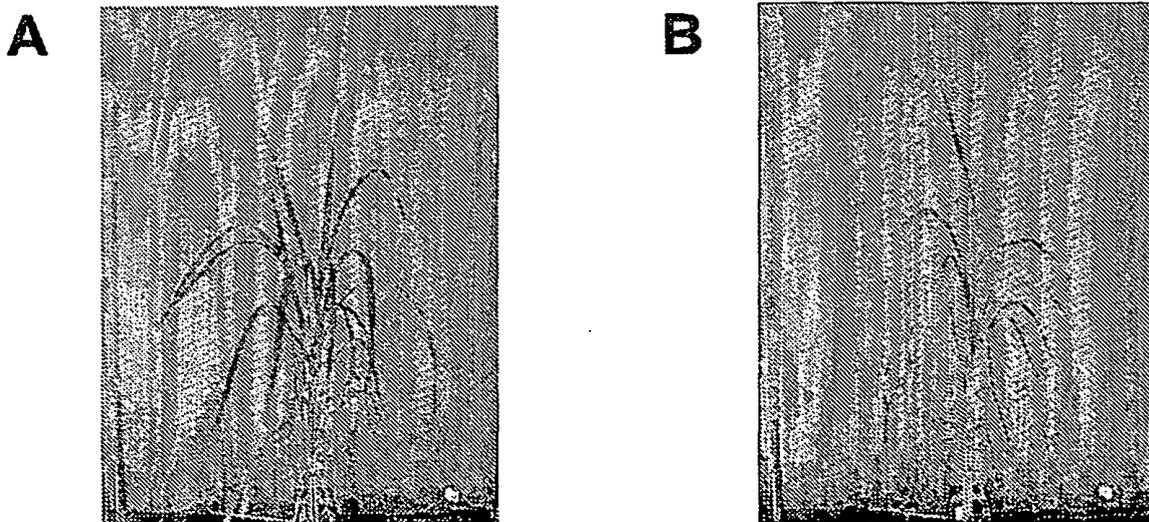


FIGURA 2

SEQ ID NO 1: ADNc para STZ de Arabidopsis thaliana (CDS1536)

AATGGCGCTCGAGGCTCTTACATCACCAAGATTAGCTTCTCCGATTCCTCCTTTGTTTCGAAG
 ATCTTTCAGTCTTCCATGGAGTCGAGCACTGGACAAAGGGTAAGCGATCTAAGAGATCAAGA
 TCCGATTTCCACCACCAAAACCTCACTGAGGAAGAGTATCTAGCTTTTTGCCTCATGCTTCT
 CGCTCGCGACAACCGTCAGCCTCCTCCTCCTCCGGCGGTGGAGAAGTTGAGCTACAAGTGTA
 GCGTCTGCGACAAGACGTTCTCTTCTTACCAAGCTCTCGGTGGTCACAAGGCAAGCCACCGT
 AAGAACTTATCACAGACTCTCTCCGGCGGAGGAGATGATCATTCAACCTCGTCCGGCGACAAC
 CACATCCGCCGTGACTACTGGAAGTGGGAAATCACACGTTTGCACCATCTGTAACAAGTCTT
 TTCCTTCCGGTCAAGCTCTCGGCGGACACAAGCGGTGCCACTACGAAGGAAACAACAACATC
 AACACTAGTAGCGTGTCCAACCTCCGAAGGTGCGGGTCCACTAGCCACGTTAGCAGTAGCCA
 CCGTGGGTTTGACCTCAACATCCCTCCGATCCCTGAATTCGATGGTCAACGGAGACGACG
 AAGTCATGAGCCCTATGCCGGCGAAGAAGCCTCGGTTTGACTTTCGGTCAAACCTCAACTT
TAAGGAAATT

SEQ ID NO 2: Proteína STZ de Arabidopsis thaliana con anotación de los dominios

CAJA B

CAJA L

MALEALTSPLASPIPLFEDSSVFHGVEHWTK**KRSKRSRS**DFHHQNL**EEEYLAFCMLL**
 ARDNRQPPPPPAVEKLSYK**CSVCDKTFSSYQALGGHKASH**RKNLSQTLGGGDDHSTSSATT
 TSAVTTGSGKSHV**CTICNKSFPSGQALGGHKRCH**YEGNNNINTSSVSNSEGAGSTSHVSSSH
 RGF**DLNI**PPIPEFSMVNGDDEVMSMPAKKPRFDFPVKLQL

motivo EAR

SEQ IS NO 3: PRM3204 (sentido, codón de inicio en cursiva)

5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTCACAATGGCGCTCGAGGCTC 3'

SEQ ID NO 4: PRM3205 (inverso, codón de detención complementario en cursiva)

5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTAATTTCCTTAAAGTTGAAGTTTGA 3'

CAJAS

SEQ IS NO 5: motivo QALGGH

QALGGH

SEQ ID NO 6: motivo NNM

NN (M/W) QMH

SEQ ID NO 7: motivo EAR

hDLNh (X) P

SEQ ID NO 8: Caja B

KR (S) KRXR

SEQ ID NO 9: Caja L

EXEXXAXCLXXL

FIGURA 3

ORTÓLOGOS DE STZ en OTRAS ESPECIES DE PLANTAS

SEQ ID NO 10: ARNm de la proteína 1 con dedos de zinc de Datisca glomerata Dg AF119050_1, cds completo

GGCACGAGGACAAATTCTCTCTCTATCCTCTGAATATCTTTGGTTTGTGAACTGAGAAGCTA
 TTAGATGGCTCTAGAAGCGCTCAACTCTCCGACCACAGCTACGCCGGTGTTCCTACTACGACG
 ACCCCAGCTTGAATTACCTTGAGCCATGGACCAAGCGTAAGCGTCCAAGCGTACGCGCTTA
 GATAGCCCCATACCGAGGAAGAGTACCTTGCTTTCTGCCTCATCATGCTCGCTCGTGGCCGC
 GTTGCCCTTGCAAATCGACGGGATTCTCAGTCTTCCATTCAGATTCAGCCTGAAGCAACGAC
 TTCGGCTACCAAAGTCAGTTATAAGTGCTCTGTGTGCGATAAGGCCTTTTCGTCTTATCAGG
 CTTTGGGTGGGCACAAGGCCAGCCACAGAAAGCTCGCTGGCGGCGAAGATCAATCGACTTCC
 TTTGCCACCACGAATTCAGCCACCGTCACTACCACCACAGCCTCCGGAGGTGGTGGCAGGTC
 TCATGAGTGTTCTATTTGCCACAAATCGTTCCTCCGACTGGCCAGGCCTTGGGTGGTCACAAGC
 GCTGCCACTACGAAGGCAGTATCGGCGGCAATAGTATTCACCACCACAACAATACCACCAAC
 AGCGGAAGCAACGGTGGCATGAGCATGACCTCCGAAGTAGGTTCCACACACACAGTCAGCCA
 CAGTCACCGTGACTTCGATCTCAACATCCCGGCCTTGCCGGAGTTTCGGTCAATTTCTTCA
 TATCCGGGGATGACGAGGTCGAGAGTCCTCATCCGGCCAAGAAACCCCGTATATTGATGAAA
TAAACATTTCTCAAGATCACTGAACCAGGCTTAGTTCCTTTATAGGAGGAGATTTAAAAA
 AGTAGTATCTCTCTTTCTTTATCCGTAGGATAATTAATATATTTTCGTGTACATAAATTTGTA
 GTTCTTTAACACACTCTGTTTCATTTTCTTGCTTTGCTCAACTTTGTATTGGTTATTTCAAT
 ATGAAAATTCATTT

SEQ IS NO 11: Proteína ortóloga STZ, Datisca glomerata Dg_AF119050_1

MALEALNSPTTATPVFHYDDPSLNYLEPWTKRKRKRTRLDSPHTEEEYLAFCLIMLARGRV
 ASANRRDSQSSIQIQPEATTSATKVSYKCSVCDKAFSSYQALGGHKASHRKLAGEDQSTSF
 ATTN SATVTTTTASGGGGRSHECSI CHKSFPTGQALGGHKRCHYEGSIGGNSIHNNNTTNS
 GSNGGMSMTSEVGSTHTVSHSHRDFDLNIPALPEFRSNFFISGDDEVESPHPAKKPRIIMK

SEQ ID NO 12: ARNm SCOF-1 para la proteína probable con dedos de zinc de Glycine max (soja) Gm_T09602_U68763.1GMU68763, cds completo

AAAATTCTCACTCTCTCTCTCATCTCGAGATCATAGTATCATATTCATATTCATTTTCATACC
 AAACACATGGCTTTGGAAGCTCTCAACTCACCAACAACAACCGCTCCATCTTTTCCCTTTGA
 CGACCCA ACTATTCCATGGGCGAAACGAAAACGTTCAAAGCGTCTCGCGACCATCCTTCTG
 AAGAAGAGTACCTCGCCCTCTGCCCTCATCATGCTCGCTCGCGGGCGGCACCACCACCGTCAAC
 AACCGCCACGTCAGCCCTCCGCCGCTACAGCCACAGCCACAGCCGACACCAGATCCTTCCAC
 CAAGCTCAGTTACAAATGCTCCGTTTGCGACAAGAGCTTCCCTCTTACCAAGCGCTCGGTG
 GACACAAGGCCAGTCACCGGAAACTCGCCGCGCCGCGGGAAGACCAACCCCCAGCACCACC
 ACTTCTCCGCGCCGCCACCAGCTCCGCTCCGGAGGTAAGGCCCATGAGTGCTCCATTTG
 CCACAAATCCTTCCCACCGGACAGGCCCTTGCGGACACAAACGTTGTCACTACGAAGGTA
 ACGGTAACGGAATAACAACAACAGTAACAGCGTTGTCACCGTCGCCTCGGAAGGCGTGGGC
 TCCACCCACACTGTCAGTCACGGCCACCACCGCGACTTCGATCTCAACATCCCGGCCTTTCC
 GGATTTTTCGACCAAGGTCGGAGAAGACGAGGTTGAGAGCCCTCACCTGTTCATGAAGAAGC
 CTCGCCTCTTCGTCATTTCCCAAGATCGAAATCCCCCAATTTCAATGAACTCGTTGAATTTT
 AGTTTATTTTTTCGACTATATATTTTGGAGAATTTTGAGAGTTACTATAATTTGATTTTGTAC
 ATAGTACTTGGAAGTTTTGTTGGACCGTACCGGACCCAGTTCTCTGGTTGAGGTTGTACTTT
 CACAACAGTGGCAGATTTGCAATTCATTTCAATTTATTTGTTTATTTTAAAAA
 AAAAAA

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 13: Proteína probable con dedos de zinc SCOF-1 de Glycine max (soja) Gm_T09602, ortóloga STZ, proteína

MALEALNSPTTAPSFPFDDPTI PWAKRKRKRSRDRHPSEEEYLALCLIMLARGGTTTVNNR
 HVSPPLQPPQPTPDPSTKLSYKCSVCDKSFPSYQALGGHKASHRKLAGAAEDQPPSTTTS
 SAAATSSASGGKAHECSI CHKSFPTGQALGGHKRCHYEGNGNGNNSNSVVTVASEGVGST
 HTVSHGHRDFDLNIPAFPDFSTKVGEEVESPHVMKKPRLFVIPKIEIPQFO

SEQ ID NO 14: ARNm para la proteína con dedos de zinc del tipo TFIIIA putativa (o kruppel) de Medicago sativa Ms_CAB77055_Y18788.1_MSY18788

AATTCGGCACGAGAAATAACCACTTCTCTCTCAAACCTCCTTTTGCCTTTTGCCTTCTACTT
 TCACCTGCGTAACGCTAACTAACTCTTCTCGAGTGTTCTTCTTTTCATCATATGGCTATGGA
 AGCACTTAACACCCACCCTGCTACTCCTTTCACACCCTTTGAGGAACCAAATCTGAGTT
 ATCTTGAAACACCGTGGACGAAAGGTAAACGATCAAAGCGTTCTCGCATGGATCAATCTTCA
 TGCCTGAAGAAGAGTATCTCGCTCTTTGTCTCATCATGCTTGCCTCGCAGCGGTAACAACAA
 CGACAAAAGTCTGATTCGGTGGCGACGCCGCTAACCACCGTTAAACTCAGTCACAAATGCT
 CAGTCTGCAACAAAGCTTTCTCATCTTATCAAGCCCTAGGTGGACACAAAGCCAGTCACCGG
 AAAGCTGTTATGTCCGCAACCACCGCTGAAGATCAGATCACCACCCTTCTCCGCCGTGAC
 TACCAGCTCTGCTTCCAACGGTAAGAACAAGACTCATGAGTGTTCCATCTGTCACAAATCCT
 TCCCTACTGGACAGGCTTTGGGAGGACACAAGCGTTGTCACTACGAAGGCAGCGTTGGTGCC
 GGTGCCGGTGTGGAAGTAACGCTGTAACCTGCTGTAAGGAGTTGGATGTGTCACACAGCCA
 CCACCGTGATTTTGATCTTAACCTCCCGGCTTTTCCGGACTTTTCAAAGAAGTTTTTCGTGG
 ATGACGAGGTTTTTAGTCTTTACCTGCTGCAAAGAAGCCCTGTCTTTTCAAGCTGGAAATT
 CCTTCTCATTACTGATCAATAATAGATCCAATTTTATTGTTATTATTATTAATAATTATTAT
 CGCTTAGGGCATAAGTTATTTCTTTTCTTTCAATTATTTCCGGATCAATTTGTTCTGTACA
 TACAAATTGGGATGGTTTTAGAATTTAGGACGGTTGTAGACAATGGAAATTCAATTCAATT
 ATTTAATTTTGTGT

SEQ ID NO 15: Proteína con dedos de zinc del tipo TFIIIA putativa (o kruppel) de Medicago sativa Ms_CAB77055 ortóloga STZ, proteína

MAMEALNSPTTATPFTPFEENLSYLETPWTKGKRKRSRMDQSSCTEEYALCLIMLARS
 GNNNDKKS DSVATPLTTVKLSHKCSVKNKAFSSYQALGGHKASHRKAVMSATTAEDQITTTTS
 SAVTTSSASNGKNKTHECSI CHKSFPTGQALGGHKRCHYEGSVGAGAGAGSNAVTAASEGVGL
 SHSHHRDFDLNLPAPDFSKKFFVDDEVFSPLPAAKKPCLFKLEIPSHY

SEQ ID NO 16: ARNm para la proteína con dedos de zinc (zfp) inducida por estrés osmótico de Nicotina tabacum Nt_AAC06243_AF053077, cds completo

TTTTCCCTCGAATTTGATAACTAAAGAGAATATTATGACTCTTGAAGCTTTGAAGTCACCTA
 CGGCGGCAACGCCGACTCTACCACCACGCTATGAAGATGATGATAAATTCATAATTTGGAT
 TCTTGGGCTAAAGGAAAACGATCAAACCGCCCCGATTGATGCCCCACCGACTGAAGAAGA
 GTATTTAGCCCTCTGTCTCATCATGCTCGCTCGCAGCGGAACCGGAACCAGAACCAGGTTTAA
 CTGATGCTACTACTTCCCAACAACCTGCCGATAAAAAACCGCCGAGTTGCCGCCGGTTCAT
 AAGAAAGAGGTGGCAACAGAGCAAGCAGAGCAATCTTACAAGTGTAGCGTGTGTGACAAGGC
 TTTTCTTCTTATCAAGCACTCGGTGGGCATAAAGCAAGTCACCGTAAACTACTACTACTG
 CTACC GCCCTCTGATGATAACAATCCTTCAACTTCAACTTCCACTGGCGCCGTTAATATC
 TCTGCTCTTAATCCAACCTGGTCTGTTACACGCTCTGTTCTATTGCCACAAGGCTTTTCTTAC
 TGGCCAAGCTTTGGGTGGGCACAAGCGCCGCTACTATGAAGGCAAACCTCGGTGGTAAACAGCC
 GCGACTTAGGCGGCGGCGGCGGCGGTCATAGTGAAGCGTCTTACTACTTCAGACGGC

FIGURA 3 (continuación)

GGCGCGTCTGACTCACACGCTACGTGACTTTGACCTGAACATGCCTGCTTCGCCGGAATTGCA
 ACTGGGTCTGAGTATTGATTGTGGACGGAAAAGTCAACTGTTGCCGATGGTCCAAGAGGTGG
 AAAGTCCATGCCTGCAAAGAAACCGCGTTTATTGTTTTCGTTGGGTTGAAACTTCTTTAGG
 GGAATTGAATTGATTGTGTTTTAGCCAAATTAGTAAATTGGTTCATGTGATTTATTTTTAG
 GAAAAGGAATTATGATTGTTTTACCCGTTTATTCTTAGGGTGGTATTATGTACAGGGAGTG
 AATCATTCATTGGTTTTACACTTTCTTAATTATATATTCTTTTTTTTTTACACATAAAAAAAA
 AAAAAA

SEQ ID NO 17: Proteína con dedos de zinc inducida por estrés osmótico de Nicotina tabacum Nt_AAC06243, ortóloga STZ, proteína

MTLEALKSPTAATPTLPPRYEDDDEIHNLD SWAKGRSKRPRIDAPPTEEEYLALCLIMLAR
 SGTGTRTGLTDATTSQOPADKKTAE LPPVHKKEVATEQAEQSYKCSVCDKAFSSYQALGGHK
 ASHRKTTTTATAASDDNNPSTSTSTGAVNISALNPTGRSHVCSICHKAFPTGQALGGHKRRH
 YEGKLGNSRDLGGGGGGHSGSVLTTSDGGASTHTLRDFDLNMPASPELQLGLSIDCGRKS
 QLLPMVQEVESPMPAKKPRLFLSLG

SEQ ID NO 18: ARNm ZF1 del factor de transcripción con dedos de zinc de Oryza sativa Os_AF332876, cds completo

AATTCGGCACGAGGCCACACAGCAACCAGCCAGCTGCCACACTAGCTTGAGGCGAGCGAGCG
 AAGCTTAGCTAGCGGATAGAACAAGTCGTCGATCTGCTTGCTGCTTTTTGTGAATTGCGGTGG
 AAGCATGTCTGAGCGCGTCGTCATGGAAGCGCTCCACGCCGCGGTGCTCAAGGAGGAGCAGC
 AGCAGCACGAGGTGGAGGAGGCGACGGTCTGTGACGAGCAGCAGCGCCACGAGCGGGGAGGAG
 GGCGGACACCTGCCCCAGGGGTGGGCGAAGCGGAAGCGGTGCGCGCCGACGCGATCGGAGGA
 GGAGAACCTCGCGCTCTGCCTCCTCATGCTCGCCCGCGGCGGCCACCACCGCGTCCAGGCGC
 CGCCTCCGCTCTCGGCTTCGGCGCCCCCGCCGGCAGGTGCGGAGTTC AAGTGCTCCGTCTGC
 GGCAAGTCCTCAGCTCCTACCAGGCGCTCGGCGGCCACAAGACGAGCCACCGGGTCAAGCT
 GCCGACTCCGCCCGCAGCTCCCGTCTTGCTCCCGCCCCGTCGCCGCCCTTGCTGCCTCCG
 CCGAGGACCGCGAGCCAGCCACGTCATCCACCGCCGCGTCTCCGACGGCATGACCAACAGA
 GTCCACAGGTGTTCCATCTGCCAGAAGGAGTTCACCGGGCAGGCGCTCGGCGGGCACAA
 GAGGAAGCACTACGACGGTGGCGTAGGCGCCGGCGCCGGCGCATCTTCAACCGAGCTCCTGG
 CCACGGTGGCCGCCGAGTCCGAGGTGGGAAGCTCCGGCAACGGCCAGTCCGCCACCCGGGCG
 TTCGACCTCAACCTCCCGGCCGTGCCGGAGTTCGTGTGGCGGCCGTGCTCCAAGGGCAAGAA
 GATGTGGGACGAGGAGGAGGAGGTCCAGAGCCCCCTCGCCTTCAAGAAGCCCGGCTTCTCA
 CCGCGTAATTT CAGCAGCTGCACGGATCCGATCCGTCAGAGTTTTTGCTAGGGAGTGAAATT
 CAGTCGAAACACACTATTGTTGATTCGTTTTGTGCCGCTATTGTTTAAATTTGTTCTGCTT
 TTGTACAGAGCAAGCGAGTGATACATAGCCATACATACAGTCATACAGATATAGGTCTAGCT
 CTTCTTGTTCTTTGTAACTGGAAGTGTACCTGTATCTTTTACACTTTGTTCTTTGACA
 GTCATATATTGTAGACCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 19: Factor de transcripción ZF1 con dedos de zinc de plántulas de Oryza sativa Os_AF332876, ortóloga STZ, proteína

MSSASSMEALHAAVLKEEQQHEVEEATVVTSSSATSGEEGGHLPQGWAKRKRSRQRSEEE
 NLALCLLMLLARGGHRVQAPPPLSASAPPAGAEFKCSVCGKSFSSYQALGGHKTSHRVKLP
 TPPAAPVLAPAPVAALLPSAEDREPATSSSTAASSDGMTNRVHRC SICQKEFPTGQALGGHKR
 KHYDGGVAGAGASSTELLATVAAESEVGSNGQSATRAFDLNLPAVPEFVWRPCSKGKKM
 WDEEEEVQSPLAFKKPRLTA

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 20: Ph_BAA05079_D26086.1 [Petunia x híbrida]. Gen para la proteína con dedos de zinc PETZFP4.

TTCACCTCACAAAACAACCTTCTCTACCTCTTCTACTTGCACATTCAAATTCCTTTCATTACTA
 CTTATCTCTACTAATCTTGATTCGATTTTAGTAAATCAAACAAGAGAATCTTTTCAGTAATA
 CAAACAAGAAAATTTTCTCTCTATACTTGATTGAGTTTAGTAAGGCAAACAAGAAAACCTATC
ATGGCACTTGAAGCATTGAATTCCTCAACTACAACAACACCACCATCATTCCAATTTGAGAA
 CAACGGGCTTAAGTACCTTGAGAGTTGGACAAAAGGTAAAAGATCAAAAAGGCAACGCAGCA
 TGGAACGACAGTGTACTGAAGAAGAGTATTTAGCACTTTGTCCTTATCATGCTAGCACGTAGC
 GATGGTTCGTAAATAACTCACGGTCTCTACCACCACCACCCTACCACCATCAGTTCCAGT
 AACGTCGCAAATAAACGCGACGTTATTGGAACAGAAGAATTTGTACAAGTGTTCGGTTTGTG
 GTAAAGGGTTTGGGTCTTATCAAGCTTTAGGTGGACATAAAGCAAGTCACCGGAAACTTGTG
 AGCATGGGAGGAGATGAACAATCTACTACTTCCACTACTACTAACGTAACGGGAACTAGTTC
 CGCTAACGTTAACGGTAACGGAAGAACTCACGAATGTTCAATTTGTCACAAGTGCCTTCCTA
 CTGGACAAGCTTTAGGTGGTCATAAAGGTGCCACTATGACGGTGGTAACGGTAACGGTAAC
 GGAAGTGTAAAGTGTGGGGTGACGTCATCTGAAGGTGTGGGGTCCACTATTAGTCATCACCG
 TGACTTTGACTTGAATATTCCTCGCGTTGCCGGAGTTTGGCCGGGATTTGGTTCGGGCGAGG
 ATGAGGTGGAGAGTCCCTCATCCAGCAAAGAAGTCAAGGCTATCTCTTCCACCTAAACTTGAA
 TTATTCAAAGGATTA**TAG**AGGGAATATTGATTTGTTACAGGAAGATTTATTAGGATTCACGA
 ATTTTTTGTGACTAGTTTATGTAATAT

SEQ ID NO 21: Proteína con dedos de zinc [Petunia x híbrida] Ph_BAA05079, ortóloga STZ, proteína

MALEALNSPTTTTTPPSFQFENGLKYLESWTKGKRKRQSMERQCTEEEYLALCLIMLARS
 DGSVNNRSLPPPPLPPSVPVTSQINATLLEQKNLYKCSVCGKGFSGSYQALGGHKASHRKLV
 SMGGDEQSTTSTTNTVTGTS SANVNGNGRTHECSI CHKCFPTGQALGGHKRCHYDGGNGNGN
 GSVSVGVTSSSEGVGSTISHHRDFDLNIPALPEFWPGFGSGEDEVESPHPAKKSRLSLPPKLE
 LFKGL

SEQ ID NO 22: Gen de Triticum aestivum Ta_BAA03901 para la proteína con dedos de zinc WZF1, cds completo

ATGTCGTCGTCGGCCATGGAAGCGCTCCACGCCCTGATCCCGGAGCAGCACCAGCTGGACGT
 TGAGGCGGCTGCGGCTGTCAGCAGCGCCACCAGCGGCGAGGAGAGCGGCCACGTGCTGCAGG
 GGTGGGCCAAGAGGAAGCGATCGCGCCGCCAGCGCTCCGAGGAGGAGAACCTCGCGCTCTGC
 CTCTCATGCTCTCGCGCGGCGGCAAGCAGCGTGTTCAGGCGCCGCAGCCGGAGTCGTTTCGC
 TGCGCCGGTGCCTGCCGAGTTCAGTGCTCCGTCTGCGGCAAGTCCCTTCAGCTCCTACCAGG
 CGCTCGGAGGCCACAAGACGAGCCACCGGGTGAAGCAGCCGTCTCCTCCCTCTGATGCCGCT
 GCTGCCCCACTCGTGGCCCTCCCGGCCGTCGCCGCCATCCTGCCGTCCGCCGAGCCGGCCAC
 GTCGTCCACCGCCGCGTCCCTCCGACGGCGCGACCAACAGAGTCCACAGGTGCTCCATCTGCC
 AAAAGGAGTTCCTCGACTGGGCAGGCGCTCGGCGGGCACAAGAGGAAGCACTACGACGGAGGC
 GTGGGCGCCGCCCTCGTCGACCGAGCTTCTGGCCGCCGCGGCCGCGAGTCTGAGGTGGG
 GAGCACCGGCAACGGGAGCTCCGCCGCCCGGGCTTCGACCTGAACATTCGGGCCGTGCCGG
 AGTTCGTGTGGAGGCCGTGCGCCAAGGGCAAGATGATGTGGGAGGACGATGAGGAGGTGCAG
 AGCCCCCTCGCCTCAAGAAGCCTCGGCTTCTCACCGCT**TGA**

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 23: Ta_BAA03901_WZF1 Triticum aestivum, ortólogo STZ, proteína

MSSSAMEALHALIPEQHQLDVEAAAAVSSATSGEESGHVLOGWAKRKRSRQRSEENLALC
 LLMLSRGGKQRVQAPQPESFAAPVPAEFKCSVCGKSFSSYQALGGHKTSRVRKQPSPPSDAA
 AAPLVALPAVAAILPSAEPATSSSTAASSDGATNRVHRCSICQKEFPTGQALGGHKRKHVDGG
 VGAAASSTELLAAAAAESEVGSTGNGSSAARAFDLNIPAVPEFVWRPCAKGKMMWEDDEEVO
 SPLAFKKPRLTA

SEQ ID NO 24: ARNm para la proteína con dedos de zinc de Capsicum annum Ca AF539746, cds completo

AAAATCTTCGCTACTTACTTACATCTTCTAGAATAGTCACTAGAACCCAGTAACTTTATACAA
 CGGATATCGATATGGCACTTGAAGCTTTGAATTCCTCAACTGGTACACCAACTCCGCCACCG
 TTTCAATTTGAGAGCGACGGCCAACAGCTTCGATATATCGAAAACCTGGAGGAAGGGAAAGAG
 ATCTAAAAGGTCACGCAGCATGGAGCACCAGCCTACTGAGGAAGAATACTTAGCGCTTTGT
 TGATCATGCTTGCACGTAGCGGTGGCTCCGTTAATCATCAACGATCTCTACCACCGCCGGCT
 CCGGTGATGAAACTGCACGCGCCGTCGTCATCATCGGCGGCGGAGGAGGAGAAGGAGAAGAT
 GGTGTATAAGTGTTCGGTTTGTGGTAAGGGATTTGGGTCTTATCAAGCTTTAGGTGGACACA
 AAGCTAGTCACCGGAAACTCGTACCCGGCGGAGATGATCAGTCAACTACCTCCACAACCACT
 AACGCAACCGGAACAACAACCTCCGTTAACGGCAACGGCAACAGAAAGTGGAAGGACTCACGA
 GTGTTTCGATTTGTCACAAGTGTTCCTCCACTGGACAAGCTTTAGGTGGACACAAAAGGTGTC
 ACTACGACGGCGGTATCGGTAACGGAAACGCTAACAGTGGCGTTAGTGCTAGCGTTGGAGTG
 ACGTCATCGGAGGGTGTGGGGTCCACAGTCAGTCACCGGGATTTGACTTGAACATTCGGGC
 GTTGCCGGAATTCTGGCTGGGATTTGGTTCCGGCGAAGATGAGGTGGAGAGTCCACATCCGG
 CGAAGAAATCGCGGTTATGTTTGCCGCCAAAATATGAATTATTTCAACATTAATGGGAATTT
 GATTGTTAGGATTTACTATTTTGGTAGACAAAATTATACTATGTAAGTTTTAATTTTCATTG
 TGGGTGGGAGCAAAATTTTAAATTTTGTCTATAGACCTAGCTAGTTACTAATAGCAAAA
 TTCAATTGATTGATTTAAAAA

SEQ ID NO 25: Ca AF539746 - Capsicum annum, ortólogo STZ, proteína

MALEALNSPTGTPTPPPFQFESDGOQLRYIENWRKGKRSKRSRSMEHQPTEEYLLCLIML
 ARSGGSVNHQRS LPPAPVMK LHPSSSSAAEEKEKVMYKCSVCGKGFSGSYQALGGHKASH
 RKLVPGGDDQSTTSTTTNATGTTTSVNGNGNRSRGRTHECSICHKCFPTGQALGGHKRCHYDG
 GIGNGNANSVGSASVGVTSSEGVGSTVSHRDFDLNIPALPEFWLGFSGGEDEVESPHPAKKS
 RLCLPPKYELFQH

PARÁLOGOS DE STZ EN ARABIDOPSIS THALIANA

SEQ ID NO 26: gi_18402298-ref_NM_112848.1 ARNm

ACTTCACTCTCTAATTTCTTCTCTCTATCTCTCACCATATTCGCGATTAAAACTCTCAAC
 TTTTCTCTCAAATTTCTGATCCTTTGATCCAACAGTTAGAAGAAGATTCATCTGATCATGGC
 CCTCGAAGCGATGAACACTCCAACCTTCTTCTTTCACCAGAATCGAAACGAAAGAAGATTTGA
 TGAACGACGCCGTTTTCAATTGAGCCGTGGCTTAAACGCAAACGCTCCAAACGTCAGCGTTCT
 CACAGCCCTTCTTCGTCTTCTTCTCACCAGCCTCGATCTCGACCCAAATCCAGAATCAAGA
 TCTTACGGAAGAAGAGTATCTCGCTCTTTGTCTCCTCATGCTCGCTAAAGATCAACCGTCGC
 AAACGCGATTTTCATCAACAGTCGCAATCGTTAACGCCGCCGAGAAATCAAAGAACCTTCCG
 TACAAGTGTAACGCTCTGTGAAAAAGCGTTTCTTCTTATCAGGCTTTAGGCGGTACAAAGC
 AAGTCACCGAATCAAACCAACCGTAATCTCAACAACCGCGATGATTCAACAGCTCCGA

FIGURA 3 (continuación)

CCATCTCCATCGTCGCCGGAGAAAAACATCCGATTGCTGCCTCCGGAAAGATCCACGAGTGT
 TCAATCTGTCAATAAAGTGTTCGACGGGTCAAGCTTTAGGCGGTACAAACGTTGTCACATA
 CGAAGGCAACCTCGGCGGCGGAGGAGGAGGAAGCAAATCAATCAGTCACAGTGGAAGCG
 TGTCGAGCACGGTATCGGAAGAAAGGAGCCACCGTGGATTCATCGATCTAAACCTACCGGCG
 TTACCTGAACTCAGCCTTCATCACAATCCAATCGTCGACGAAGAGATCTTGAGTCCGTTGAC
 CGGTAAAAAACCGCTTTTGTGACCGATCACGACCAAGTCATCAAGAAAGAAGATTTATCTT
 TAAAAATCTAATACTCGACTATTAATTCTTGTGTGATTTTTTTTCGTTACAACCATAGTTTCA
 TTTTCATTTTTTTTAGTTACAAATTTTAAATTGTTCTGATTTGGATTGAATATTGGTATATTG
 TTAGGGGTTGATAC

SEQ ID NO 27: Traducción de gi_18402298_ref_NM_112848.1_

MALEAMNTPSSFTRIETKEDLMNDAVFIEPWLKRKRKRQRSHSPSSSSSSPPRSRPKSON
 QDLTEEEYLALCLLMLAKDQPSQTRFHQSQSLTPPPESKNLPYKCNVCEKAFPSYQALGGH
 KASHRIKPPTVISTTADDSTAPTISIVAGEKHPHIAASGKIHESICHKVFPTGQALGGHKRC
 HYEGNLGGGGGGGSKSISHSGSVSSTVSEERSHRGFIDLNLPALPELSLHNPVDEEILSP
 LTGKKPLLLTDHDQVIKKEDLSLKI

SEQ ID NO 28: gi_30680473_ref_NM_120516.3_ARNm

AAATCAAATCTTTTCATTTACAATTATCTTTCTTCTCAATTTAGAACTTAGTAGCTAGTCTT
 CAAGATAATGGCACTTGAACTCTTACTTCTCCAAGATTATCTTCTCCGATGCCGACTCTGT
 TTCAAGATTCAGCACTAGGGTTTCATGGAAGCAAAGGCAAACGATCTAAGCGATCAAGATCT
 GAATTCGACCGTCAGAGTCTCACGGAGGATGAATATATCGCTTTATGTCTCATGCTTCTTGC
 TCGCGACGGAGATAGAAACCGTGACCTTGACCTGCCTTCTTCTTCGTCTTCACCTCCTCTGC
 TTCTCCTCTTCTACTCCGATCTACAAGTGTAGCGTCTGTGACAAGGCGTTTTTCGTCTTAC
 CAGGCTCTGGTGGACACAAGGCAAGTCACCGGAAAAGCTTTTCGCTTACTCAATCTGCCGG
 AGGAGATGAGCTGTGACATCGTCGGCGATAACCACGTCTGGTATATCCGGTGGCGGGGGAG
 GAAGTGTGAAGTCGCACGTTTGCTCTATCTGTCATAAATCGTTCGCCACCGGTCAAGCTCTC
 GCGCGCCACAAACGGTGCCACTACGAAGGAAAGAACGGAGGCGGTGTGAGTAGTAGCGTGTG
 GAATCTGAAGATGTGGGGTCTACAAGCCACGTCAGCAGTGGCCACCGTGGGTTTGACCTCA
 ACATACCGCCGATACCGGAATTCCTCGATGGTCAACGGAGACGAAGAGGTGATGAGTCCATG
 CCGGCGAAGAACTCCGTTTGACTTCCCGGAGAAACCCTAACATAAACCTAGGAAAAACT
 TTACAGAATTCATTTTATAGGAAATTGTTTTACTGTATATACAAATATCGATTTTGATTGAT
 GTTCTTCTTCACTGAAAAATTATGATTCTTTGTTGTATAATTGATGTTTCTGAAAAAGATAT
 AACTTTTTATTTGTTTCACACGTATCAAATTTGCTTGATACATCA

SEQ ID NO 29: Traducción de gi_30680473_ref_NM_120516.3_

MALETLTSPLSSPMPFLFQDSALGFHGSKGKRSRSEFDRQSLTEDEYIALCLMLLARD
 GDRNRDLPLPSSSSPPLLPPLPTPIYKCSVCDKAFSSYQALGGHKASHRKSFSLTQSAGGD
 ELSTSSAITTSGISGGGGSVKSHVCSICHKSFATGQALGGHKRCHYEGKNGGGVSSSVSNS
 EDVGSTSHVSSGHRGFDLNI PPIPEFSMVNGDEEVMS PMPAKKLRFDPEPKP

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 30: gi_30693252_ref_NM_114853.2_ARNm

ATGGCTCTCGACACTCTCAATTCTCCACCTCCACCACCACAACCACCGCTCCTCCTCCTTT
 CCTCCGTTGCCTCGACGAAACCGAGCCCGAAAACCTCGAATCATGGACCAAAGAAAACGTA
 CAAAACGTCACCGTATAGATCAACCAAACCTCCTCCTTCTGAAGAAGAGTATCTCGCTCTT
 TGCCCTCCTTATGCTCGCTCGTGGCTCCTCCGATCATCACTCTCCACCGTCGGATCATCACTC
 TCTTTCTCCACTGTCCGATCATCAGAAAGATTACAAGTGTTCCGCTCTGTGGCAAATCTTTCC
 CGTCTTACCAAGCGTTAGGTGGACACAAAACAAGTCACCGGAAACCGGTTAGTGTGATGTT
 AATAATAGTAACGGAACCGTTACTAATAACGGAAATATTAGTAACGGTTTAGTTGGTCAAAG
 TGGGAAGACTCATAACTGCTCTATATGTTTTAAGTCGTTTTCCCTCTGGTCAAGCATTGGGGT
 GTCACAAACGTTGTCACTATGATGGTGGTAACGGTAACAGTAACGGTGACAATAGCCACAAG
 TTTGACCTAAATTTACCGGCTGATCAAGTTAGTGATGAGACAATTGGAAAAAGTCAACTCTC
 CGGTGAAGAAACAAAGTCGGTGTGATTATTATTATTTTTTACCGATCGGGATTAGCTAG
 TGGTTGATCATTAGCTGAGTCTGTAATGAAAATGAT

SEQ ID NO 31: Traducción de gi_30693252_ref_NM_114853.2

MALDTLNSPTSTTTTTAPPPFLRCLDETEPENLESWTKRKRTRKRHRIDQPNPPPSEEEYLAL
 CLLMLARGSSDHSPPSDHSLSPSLDHQKDYKCSVCGKSFPSYQALGGHKTSHRKPVSVDV
 NNSNGTVTNNGNISNGLVGQSGKTHNCSI CFKSFPSGQALGGHKRCHYDGGNGNSNGDNSHK
 FDLNLPADQVSDETIGKSQLSGEETKSVL

SEQ ID NO 32: gi_30694224_ref_NM_123683.2_ARNm

AAATTTTCTATAGCAATGGCGCTTGAAGCTCTTAATTCACCAAGATTGGTTCGAGGATCCCTT
 AAGATTCAATGGCGTTGAGCAGTGGACCAAATGTAAGAAACGATCCAAACGTTTCGAGATCTG
 ATCTTCATCATAACCACCGTCTCACTGAGGAAGAGTATCTAGCTTTCTGTCTCATGCTTCTT
 GCTCGGGATGGCGGCGATCTTACTCTGTGACGGTTGCGGAGAAGCCGAGTTATAAGTGTGG
 CGTTTGTTACAAGACGTTTTCGTCTTACCAAGCTCTCGGCGGTCATAAAGCGAGCCACCGGA
 GCTTATACGGTGGTGGAGAGAATGATAAAATCGACACCATCCACCGCCGTGAAATCTCACGTT
 TGTTCCGGTTTGCGGGAAATCTTTCGCCACCGGTCAAGCTCTCGGCGGCCACAAGCGGTGCCA
 CTACGATGGTGGCGTTTCGAACTCGGAAGGTGTGGGGTCTACTAGCCACGTCAGCAGTAGTA
 GCCACCGTGGATTTGACCTTAATATTATACCGGTGCAGGGATTTTCGCCGGACGACGAAGTG
 ATGAGTCCGATGGCGACTAAGAAGCCTCGCCTGAAGTAAGTCTTTGTTGAAGACCTGGAAGT
 TTATCAAATGTAAATATCAAATTTCAATTTCAAGGAACAGTTTTGTTGATTCTATTACCAAT
 ACACAATACGATTCAATTCC

SEQ ID NO 33: Traducción de gi_30694224_ref_NM_123683.2_

MALEALNSPRLVEDPLRFNGVEQWTKCKKRSKRSRSDLHNNHRLTEEEYLAFCLMLLARDGG
 DLDSVTVAEKPSYKCGVCYKTFSSYQALGGHKASHRSLYGGGENDKSTPSTAVKSHVCSVCG
 KSFATGQALGGHKRCHYDGGVSNSEGVGSTSHVSSSSHRGFDLNIIPVQGFSPDDEVMSPPMA
 TKKPRLK

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 34: gi_30698307_ref_NM_126145.2_ARNm

CACACTTCACTCTTTCTTCATCTTCTTCTTCTTAAATAGCTCGAAATCACATCTCACAGAAT
TAAATCTTATGGCTCTCGAGACTCTCAATTCTCCAACAGCTACCACCACCGCTCGGCCCTCTT
CTCCGGTATCGTGAAGAAATGGAGCCTGAGAATCTCGAGCAATGGGCTAAAAGAAAACGAAC
AAAACGTCAACGTTTTGATCACGGTCATCAGAATCAAGAAACGAACAAGAACCTTCCTTCTG
AAGAAGAGTATCTCGCTCTTTGTCTCCTCATGCTCGCTCGTGGCTCCGCCGTACAATCTCCT
CCTCTTCTCCTCTACCGTCACGTGCGTCACCGTCCGATCACCGAGATTACAAGTGTACGGT
CTGTGGGAAGTCTTTTCGTACATACCAAGCCTTAGGTGGACACAAGACGAGTCACCGGAAAC
CGACGAACACTAGTATCACTTCCGGTAACCAAGAAGTGTCTAATAACAGTCACAGTAACAGC
GGTTCGGTTGTTATTAACGTTACCGTGAACACTGGTAACGGTGTAGTCAAAGCGGAAAGAT
TCACACTTGCTCAATCTGTTTCAAGTCGTTTTCGTCTGGTCAAGCCTTAGGTGGACACAAC
GGTGTCACTATGACGGTGGCAACAACGGTAACGGTAACGGAAGTAGCAGCAACAGCGTAGAA
CTCGTCTGCTGGTAGTGACGTCAGCGATGTTGATAATGAGAGATGGTCCGAAGAAAGTGCAT
CGGTGGCCACCGTGGATTTGACCTAAACTTACCGGCTGATCAAGTCTCAGTGACGACTTCTT
AACGTTGACTGAGTTTGAGGAAAAAGTCAACTATCAAGCGAAGAAAGGGTTAGTGGACGGTG
AAGATTAACGGTCGTTTCTTTCCAGTTGCTTCCGTTTGAGCTTGACTGGGTCTGTAATGAAA
ATGATTGGAGTGGACTTGGCATTATTATTATTATTTTTAAAAAGAAATGTTAATTTGTTGTT
GGATTTGTTTATAGATAGAGGAAACAATTGGGATACACAAATATTTTTTTTTTTTACAAAGA
AAATAATAATGCAGAGATGGATGATTGGATCGTACACGTTATTATATAGTGGACCATTCTGT
AATCGTGAATTATTATTATTTGTTAGAAATTTAATTTTTCGT

SEQ ID NO 35: Traducción de gi_30698307_ref_NM_126145.2_

MALETLNSPTATTTARPLLRREEMEPENLEQWAKRKRTRKQRFDHGHONQETNKNLPSEEE
YLALCLLMLLARGSAVQSPPLPLPSRASPSDRDYKCTVCGKSFSSYQALGGHKTSHRKPTN
TSITSGNQELSNNSHSNSGSVVINVTVNTGNGVSQSGKIHTCSICFKSFASGQALGGHKRCH
YDGGNNGNGNGSSNSVELVAGSDVSDVDNERWSEESAI GGHRGFDLNL PADQVSVTTS

OTROS GENES EN EVALUACIÓN

SEQ ID NO 36: gi_12698881_ref_AF_332876.1_ARNm, 2xC2H2, Oryza sativa

AATTCGGCACGAGGCCACACAGCAACCAGCCAGCTGCCACACTAGCTTGAGGCGAGCGAGCG
AAGCTTAGCTAGCGGATAGAACAAGTCGTCGATCTGCTTGCTGCTTTTGTGAATTGCGGTGG
AAGCATGTCGAGCGCGTCCATGGAAGCGCTCCACGCCGCGGTGCTCAAGGAGGAGCAGC
AGCAGCACGAGGTGGAGGAGGCGACGGTCGTGACGAGCAGCAGCGCCACGAGCGGGGAGGAG
GGCGGACACCTGCCCCAGGGTGGGCGAAGCGGAAGCGGTGCGCGCCGCGAGCGATCGGAGGA
GGAGAACCTCGCGCTCTGCCTCCTCATGCTCGCCGCGGGCGGCCACCACCGCTCCAGGCGC
CGCCTCCGCTCTCGGCTTCGGCGCCCCCGCGGCAGGTGCGGAGTTCAAGTGTCTCCGTCTGC
GGCAAGTCTTACGCTCCTACCAGGCGCTCGGCGGCCACAAGACGAGCCACCGGGTCAAGCT
GCCGACTCCGCCCGCAGCTCCCGTCTTGGCTCCCGCCCCGTCGCCGCGCTTGCTGCCTTCCG
CCGAGGACCGGAGCCAGCCACGTATCCACCGCCGCGTCTCCGACGGCATGACCAACAGA
GTCCACAGGTGTTCCATCTGCCAGAAGGAGTTCACCGGGCAGGCGCTCGGCGGGCACAA
GAGGAAGCACTACGACGGTGGCGTAGGCGCCGGCGCCGGCGCATCTTCAACCGAGCTCCTGG
CCACGGTGGCCGCCGAGTCCGAGGTGGGAAGCTCCGGCAACGGCCAGTCCGCCACCCGGGCG
TTCGACCTCAACCTCCCGGCCGTGCCGGAGTTCGTGTGGCGGCCGTGCTCCAAGGGCAAGAA
GATGTGGGACGAGGAGGAGGAGGTCCAGAGCCCCCTCGCCTTCAAGAAGCCCCGGCTTCTCA
CCGCGTAATTCAGCAGCTGCACGGATCCGATCCGTGAGAGTTTTTGTCTAGGGAGTGAATTT
CAGTCGAAACACTATTCGTTGATTTCGTTTTGTGCCGCTATTGTTAATTTGTTTCTGCTT

FIGURA 3 (continuación)

TTGTACAGAGCAAGCGAGTGATACATAGCCATACATACAGTCATACAGATATAGGTCTAGCT
 CTTCCCTGGTTCTTTGTAACTGGAAGTGTACCTGTATCTTTTACACTTTGTTCTTTGACA
 GTCATATATTGTAGACCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 37: gi_1269882_ref_AAK01713.1, 2xC2H2, *Oryza sativa*

MSSASSMEALHAAVLKEEQQHEVEEATVVTSSSATS GEEGGHLPQGWAKRKRSRQRSEEE
 NLALCLLMLARGGHRVQAPPPLSASAPPAGAEFKCSVCGKSFSSYQALGGHKTSHRVKLP
 TPPAAPVLAPAPVAALLPSAEDREPATSSSTAASDGMTNRVHRCSICQKEFPTGQALGGHKR
 KHYDGGVGAGAGASSTELLATVAAESEVSSGNGQSATRAFDLNLPAVPEFVWRPCSKGKMM
 WDEEEEVQSPLAFKKPRLTA

SEQ ID NO 38: gi_6434215_ref_AL132966.1_región 116202 ... 116729, 2xC2H2, *Arabidopsis thaliana*

ATGAAGAGAGACCGGTCCGATTACGAAGAATCCATGAAGCATATAGACATAGTAGAAAGTCT
 AATGATGTTATCTCGAAGTTTCGTGGTCAAACAAATCGATGTAAAGCAATCTACCGGAAGCA
 AAACGAACCATAATAACCACCTCGAATGCAAACGTGTAACCGGAAATTTGATTCCTTCCAA
 GCTCTTGGAGGTCATAGAGCTAGCCACAAGAACCTAAGCTGATCGTTGACCAAGAAGAGGT
 GAAGCATCGTAACAAAGAGAATGATATGCATAAGTGTACAATTTGCGATCAAATGTTTGGGA
 CCGGTCAAGCTCTAGGCGGTACATGAGAAAGCATAGGACGAGCATGATAACCGAGCAATCG
 ATTGTCCCTTCTGTGGTTTATCCAGACCGGTTTTTAATCGTTGCAGTAGCAGCAAGGAGAT
 CTTGGACTTAAATCTAACTCCATTGGAAAATGATCTTGTGTTAATCTTTGGGAAGAATTTGG
 TTCCACAAATTGATTTGAAGTTTGTGAATTAG

SEQ ID NO 39: gi_6729511_ref_CAB67667.1, 2xC2H2, *Arabidopsis thaliana*

MKRDRSDYEE SMKHI DIVESLMMLSRSFVVKQIDVKQSTGSKTNHNNHFECKTCNRKFDSFQ
 ALGGHRASHKKPKLIVDQEQVKHRNKENDMHKCTICDQMFGTGQALGGHMRKHRTSMITEQS
 IVPSVVYSRPVFNRCSSSKEILDNLTPLENDLVLIFGKNLVPQIDLKFN

SEQ ID NO 40: ref_CA279020, 2xC2H2, caña de azúcar

CCTAACCAGCATTAGCTTTTCAAATCAACAAGCCTCGCCGTGACCGATCGATGGCCATCACC
 CACGACGACTACGTCTCCCTCTGCCTCATGGCGCTCGCAGCCGCGGAGGCGGAGGCCAAGC
 TGGTTTAAACAACGAGTACGCTCTGAACACGGCTGCCTGGACAGCGACGGCGCAAGAGTCCG
 AGCTCCGCTTCCGGTGCTCCGTCTGTGGCAAGGCCTTCGCGTGCACCAAGGCACTGGGCGGG
 CACAAGGCCAGCCACCGCAAGCCGACGCTCGTACAGGCACATGCGTCTCCTCAGCCGGAGG
 CGCGGCGTCTGTCGGTAACAATGACCTCGGCCGTAGGCAGCAGTGGGCAGGGGAGGCACA
 GGTGCACGGTGTGCCATCGGAGCTTCGCGACGGNGCAAGCGCTCGGCGGGCACAAGAGGTGC
 CATTACTGGGACGGGCTCTCGGTGTGCTCACCAGCGTGTGCGGCCATCGGGGTCCGGGTC
 GACCGTCAAGGGCTTTGATCTGAATTTGGTGCCGGTGCCGCCCGCGATGGCCGCCAACGCTG
 CGACAAGGTGGGGAGAGGAGAANNAAGTCANAAACCCTTGCGGGTCAAGAGAAGGCGGCTTG
 CCGGTCCGTCTTGACCCTAATTTAACGATTTAGAAGTCCTTTTTTTAATAATTAAGAGTTC
 TTTTGAAGAAGGTTGTAAAGTTTTCGAACCTTGTCTTTTAATGGATTTGGGTGCTGGCGAA
 ATTTTAAAACCTGGATTTAAATTTGCGCTCACTCTTTTTTTTTATTTTTTACACCCTTTTTTT
 TTTT TAGAAGAAGA

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 41: gi_18027011_ref_AF254447.1, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

TTCCTTTCTCTTCCTCTCTCTCTCTCTCACCATGACTGATCCTTATTCCAATTTCTTCACA
 GACTGGTTC AAGTCTAATCCTTTTACCATTACCCTAATTCCTCCACTAACCCCTCTCCTCA
 TCCTCTTCCTCCTGTTACTCCTCCCTCTTCTTCTTCTTCCCTCAATCCGGAGACCTCC
 GCCGTCCACCGCCGCCACCAACTCCTCCTCCTTCTCCTCCTCCTCCGAGAAGCCCTCCCTCTC
 CTCAGCCTCAGCCCCGCCAACAAACAAGACCACCATCACAACCATGACCACCTTATTCA
 AGAACCACCTTCAACCTCCATGGATGTCGACTACGATCATCACCATCAAGATGATCATCATA
 ACCTCGATGACGATGACCATGACGTACCCTGCTCTTACATAGGCCTTCCAAGCCCTAGT
 GCTCAAGAGATGGCCTCTTTGCTCATGATGTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTCCTCGAGGACCACTCA
 TCATCACGAGGACATGAATCACAAGAAAGACCTCGACCATGAGTACAGCCACGGAGCTGTGCG
 GAGGAGGAGAAGATGACGATGAAGATTCAGTCGGCGGAGACGGCGGCTGTAGAATCAGCAGA
 CTCAACAAGGGTCAATATTGGATCCCTACACCTTCTCAGATTCTCATTGGCCCTACTCAGTT
 CTCATGTCCTGTTTGCTTCAAACCTTCAACAGATACAATAACATGCAGATGCATATGTGGG
 GACATGGATCACAATACAGAAAAGGACCTGAATCTCTAAGGGGAACACAACCAACAGGAATG
 CTAAGGCTTCCGTGCTATTGCTGCGCCCCAGGCTGTGCGCAACAACATTGACCATCCAAGGGC
 AAAGCCTCTCAAAGACTTCAGAACCCTTCAAACACATTACAAGAGAAAACATGGGATCAAAC
 CTTTCATGTGTAGGAAATGTGGAAAGGCTTTTCGAGTCCGAGGGGACTGGAGAACACATGAG
 AAGAATTGTGGCAAACCTTTGGTATTGCATATGTGGATCTGATTTCAAGCACAAAGAGATCTCT
 CAAAGATCACATCAAGGCTTTTGGGAATGGTCATGGAGCCTACGGAATTGATGGGTTTGATG
 AAGAAGATGAGCCTGCCTCTGAGGTAGAACAATTAGACAATGATCATGAGTCAATGCAGTCT
 AAATAGCTTATATATATTACTATAAGTACTAAGTAATTCGGTATATATATTAATTATAAGAA
 ACCTAAATCTATGGACCAAGTTTGTATGGAGGTAGGGCTTTTCAAACCTAAAAGCTATATCAT
 CTAATTGATCATAGGAAAAAATGAATCAAGAGCACCTTGAAAAATTTAAATTGTATCTTTA
 GCTTCTTAGTTAAATTTATTGCAAGACAATGTAGCAGTCTAACCAATGAGGTTCCCAACGGT
 TTATTTCTATTTGTATATATTTTGTATAGCTTCACCTTTTCGTTAATTCGAAGGACATAA
 CTTATAAATGTTTAAATTATG

SEQ ID NO 42: At3g57670, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

MTDPYSNFFTDWFKSNPFHHYPNSSTNPSPHPLPPVTPPSSFFFFPQSGDLRRPPPPPTPPP
 SPPLREALPLLSLSPANKQQDHHHNDHLIQEPPSTSMVDVDYDHHHQDDHNLDDDDHDVTV
 ALHIGLPSPSAQEMASLLMSSSSSSSRTTHHHEDMNHKKDLDEYSHGAVGGGEDDDEDSV
 GGDGGCRISRLNKGQYWIPTPSQILIGPTQFSCPVCFKTFNRYNNMQMHMWGHGSQYRKGPE
 SLRGTQPTGMLRLPCYCCAPGCRNNIDHPRAKPLKDFRTLQTHYKRKHGKPFMCRKCGKAF
 AVRGDWRTHEKNCGKLCWYICGSDFKHKRSKLDHIKAFGNHGHAYGIDGFDEDEPASEVEQ
 LDNDHESMQSK

SEQ ID NO 43: gi_18676370_ref_AJ311810.2, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

ATCTACACACTACTACTCACATCTCATCTCTCTCTAGCACATACCCATCAAACCATATAGAT
 ACGGTGCTTTTATTCTTGATCTTCTTCTTCTTCTTGTCTTCTCCTCAGAGTCATGTCTAAT
 CCAGCTTGTTGGAATCTCTTCAACAATGGATGTGACCATAATAGCTTCAACTATTCCACTTC
 TCTCTCTTACATTTACAACCTCTCACGGTAGCTACTATTACTCTAATACCACAAACCTAATT
 ACATTAATCATACTCATACTTCCACTTCCCCTAACTACCCCCACTAAGAGAAGCTCTT
 CCTCTTCTTAGCTTAAGCCCCATAAGGCACCAAGAACAACAAGACCAACACTATTTTCATGGA
 CACCCATCAAATTAGCTCTTCAAACCTTCTTGTATGATCCTCTTGTGACTGTGGATCTTCATC
 TAGGGTTACCAAACCTACGGTGTGGTGGAGAGCATTAGGAGCAATATTGCTCCTGATGCAACC

FIGURA 3 (continuación)

ACGGACGAGCAAGATCAAGATCATGACCGAGGAGTAGAAGTCACAGTTGAGTCCCACCTTGA
 TGATGATGATGATCATCATGGAGATCTACACAGAGGTCATCACTATTGGATTCCCTACTCCTT
 CTCAGATTTTGGATTGGTCTACACAGTTCCTTGTCTCTTTGCTTCAAGACATTCAACAGA
 TACAACAACATGCAGATGCACATGTGGGGACACGGCTCACAATACAGAAAGGGACCAGAATC
 CTTAAGAGGAACCCAACCAACAGGAATGCTAAGACTACCATGTTTCTGCTGTGCACCCGGTT
 GCAAGAACAACATTGACCACCCACGAGCCAAGCCTCTTAAGGACTTTCGAACCCTCCAAACA
 CATTACAAACGTAAACATGGGTCTAAACCATTGCTTGTGCGTATGTGTGGTAAGGCCTTTGC
 AGTGAAGGAGATTGGAGAACGCATGAGAAGAATTGTGGAAAGCTTTGGTATTGCTCTTGTG
 GCTCGGATTTTAAGCACAAGAGGTGCTTAAGGACCATGTCAAGGCCTTTGGAAATGGTCAT
 GTTCCTTGTGGGATTGATAGTTTTGGAGGAGATCATGAGGACTACTATGATGCTGCTTCTGA
 TATCGAGCAATAAGATGATAGCAACAACAATGAGTGTAAATTAGGGGTTTTGTTTTATTTTTTC
 CTCTCATGCATTAGTTGATTGTATGCACGTGTTCTTTAGTTTTGTTCTTCGGATCTTTGTTT
 TATTTTGTTTTGAGCTGTTTTTTTTTTAATTACTAAGAAGTTAATTATCATCTAAAGATTTT
 C

SEQ ID NO 44: gi_18376498_ref_CAC86167.1, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

MSNPACSNLNFNNGCDHNSFNYSLSYIYNHSGSYYSNTTNPNYINHHTTTSTSPNSPPLR
 EALPLLSLSPIRHQEQDQHYFMDTHQISSNFLDDPLVTVDLHLGLPNYGVGESIRSNIAP
 DATDEQDQDHRGVEVTVESHLDDDDHHGDLHRGHYWIPTPSQILIGPTQFTCPLCFKT
 FNRYNNMQMHMWGHSQYRKGPESLRGTQPTGMLRLPCFCCAPGCKNNIDHPRAKPLKDFRT
 LQTHYKRKHGSKPFACRMC GKAFVKGDWRTHEKNCGLWYCSCGSDFKHKRSLKDHVKAFG
 NGHVPCGIDSFGGDHEDYYDAASDIEQ

SEQ ID NO 45: gi_7798991_ref_AL355775.1_región 7957 ... 8451, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

ATGGTTGCGAGAAGTGAGGAAGTTGAGATAGTGGAAGATACGGCGGCGAAATGTTTGATGTT
 GTTATCAAGAGTTGGAGAATGCGGCGGAGGAGAGAGAAACGAGTTTTCCGATGCAAGACTT
 GTCTTAAAGAGTTTTCGTCGTTTTCAAGCTTTGGGAGGTCATCGTGCAAGCCACAAGAACTC
 ATTAACAGTAGCGATCCATCACTTCTTGATCCTTGTCTAACAAGAAAACATAAACGGCGAC
 GTCTCATCCTTGTCCGATATGTGGCGTGGAGTTCCGATGGGGCAAGCTCTTGGTGGTCACA
 TGAGGAGACATAGGAGTGAGAAAGCCTCACCAGGCACGTTGGTTACACGTTCTTTTTTACCG
 GAGACGACGACGGTGACGACTTTGAAAAAATCGAGTAGTGGGAAGAGAGTGGCTTGTTTGGA
 CTTAGATTCGATGGAGAGTTTAGTCAATTGGAAGTTGGAGTTGGGAAGAACGATTTCTTGA

SEQ ID NO 46: gi_7798996_ref_CAB90935.1, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

MVARSEVEIVEDTAAKCLMLLSRVGECGGGGEKRVFRCKTCLKEFSSFQALGGHRASHKKL
 INSSDPSLLGSLSNKKTATSHPCPICGVEFPMGQALGGHMRRHRSEKASPGTLVTRSFLP
 ETTTVTTLLKSSSGKRVACLDLDSMESLVNWKLELGRTIS

SEQ ID NO 47: gi_9755794_ref_AL391143.1_región 31730 ... 32938, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

ATGGAAGACGAACATCAAGATCTCCATAAACCCATTAATGGAGCTTTGCGAGACCTCAAGAT
 TACTCGGTACAGAAAGAAACAGAAAAGTCTACGAACCAACAGCAAGATGTTACTTGTACT
 ATGGTCTAAGGGAAAACCGAAGAAGAAAACCCAGGAATCTCCGGAACCAATGAAGAAGATT
 TTGTTTCGATGCGAAGAATGTGGAAAAGGGTTTCGGTACGAGAAATATTTTAAGAATCATCG

FIGURA 3 (continuación)

CTCGATGATGCATTTATCGCCGAACGAGAAGGTTTGTGAAGAATCCTTGATGACTCTGTCTC
 GTAGCCTTGGGTTTGTGAAGAAGAAGAAAAGATCAAGACTTGGTAGGTCTGGGAAGACTTTA
 TTTACTACGTTTCTTGAACCGAGTTCTATTTTTGATGCGACTGATGAAGAATTAGAAGTGGC
 GGATTGTTGATTCTATTGTCTAAGAGTGCTCCCAAGGTTGTAGACGAATTGAAAAGTCTTT
 CTGAGGCAGTACGTGTTACTCCTGAAACACCTGAAAGTAGCTATGATTTGGGTTGTTTGCTC
 AACAGAAACCGAGAAAAGGTGGTGAATTGGAATCTGGGGTTTTAAGTAATGAGCAAAGACT
 TATGGAAGAAGGTTTAGTAGTTATGGAACATCGAAAGAACCAGCTAGCTTCTTGAGAGACG
 AAAACAGATTGGATCAGCAGAAACGGAGAAAAGATGGTGAATTTGAATCCGGACTTTTGAGT
 AATGAGCAAAGACTGCTAGAAGAAGAGATTACTACTCCTGTGACATTCAAAGGTCCAGCGAG
 TTCCTTGAGACACAAGTGTGCTTTGGATCGAAATGGAGGTGAATTTGGTCCTGAGTTTTTGA
 GTAATGAGCAAACACTGATGGAAGAAACATGGAAAGAACCAGTGAGTTTCTTAGAAGATAAG
 CATGAATTTGATCAGCGGAAAATGCGAGAAGCTGGCGACTTTGAATCTAGGTTTTACAGAAT
 TGAGCTTGAGTAGGAGCTATGGAGTGTACTTCTTCAGATACTGATATGCTCACGCAATCTG
 ATAAGAAGAACGTTGAGCATCGATGCAGGTTGTGCAACAAGATATTCTCGTCTTATCAAGCT
 CTAGGGGGTCATCAGACGTTTCATCGGATGAGCAAATGTAAGAACAAGAAGAATGGCATAGA
 GGAATCAGTTGAACCCAGGATGACTCTGTGA

SEQ ID NO 48: gi_9755803_ref_CAC01747.1, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

MEDEHQDLHKPINGALRDLKIITRSQKETEKSTNQQQDVTCYYGLRENSKKKTQESPEPMKKI
 LFRCEECGKGFREYKYFKNHRSMMLSPNEKVCEESLMTLSRSLGFVKKKKRSRLGRSGKTL
 FTTFLEPSSIFDATDEELEVADCLILLSKSAPKVVDELKSLSEAVRVPETPESYDLGCLL
 NKKPRKGGELESGVLSNEQRLMEEGFSSYGTSSKEPASFLRDENRLDQQRKRDGEFESGLLS
 NEQRLLEEEITTPVTFKGPASSLRHKCALDRNGGEFGPEFLSNEQTLMEETWKEPVSFLEDK
 HEFDQRKMREAGDFESRFYRIELGVGAMECTSSDTDMLTQSDKKNVEHRCRLCNKIFSSYQA
 LGGHQTFHRMSKCKNKNKNGIEESVEPRMTL

SEQ ID NO 49: gi_1418338_ref_X98678.1, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

CTTGTTAGTTCACTCCACATAATAAACACCAAAGATTTCAATCTCTTCTCCATAATTTGAA
 GTTCTTGAATTGGGTTTGTTCCTTGATTTGTTTCTTGAATTGGGTTTGGTCTTCTTTTCT
 TACTATATTTGGATATGATGATGGGTCAAGATGAGGTTGGGAGTGATCAGACGCAAATCATA
 AAAGGGAAACGTACGAAGCGACAAAGATCGTCTTCGACGTTTGTGGTGACGGCGGCGACAAC
 AGTGACTTCAACAAGTTCATCGGCCGGTGGAAAGTGAGGAGAAAGAGCTGTTTCAGATGAAT
 ACAACTCGGCGGTTTCGTCTCCGGTGACTACTGATTGTACGCAAGAAGAAGAAGACATGGCG
 ATTTGTCTCATCATGTTAGCTCGTGGGACAGTTCTTCATCGCCGGATCTCAAGAACTCGAG
 AAAAATTCATCAGAAGATTTTCGTCCGGAGAATTCTAGTTTCTATGTGTACGAGTGTAACCGT
 GTAACCGGACGTTTTTCGTCTTCCAAGCACTTGGTGGACACAGAGCGAGCCACAAGAAGCCG
 AGGACGTCGACTGAGGAAAAGACTAGACTACCCCTGACGCAACCCAAGTCTAGTGCATCAGA
 AGAAGGGCAAACAGTCATTTCAAAGTTTCCGGCTCAGCCCTAGCTTCACAGGCAAGTAACA
 TCATCAACAAGGCAAACAAGTACACGAGTGTTCATCTGCGGTTCTGAGTTCACTTCCGGG
 CAAGCTCTCGGTGGTCACATGAGGCGGCACAGGACAGCCGTAACCACGATTAGCCCCGTTGC
 AGCCACCGCAGAAGTAAGCAGAAACAGTACAGAGGAAGAGATTGAGATCAATATAGGCCGTT
 CGATGGAACAGCAGAGGAAATATCTACCGTTGGATCTTAATCTACCAGCACCAGGAGATGAT
 CTAAGAGAGTCCAAGTTTCAAGGGATAGTATTCTCAGCAACACCAGCGTTAATAGATTGTCA
 TTAGTGTGTTTTTTTTTACTACATAATATGATGAAATATTTGTGAATCTTCTTACTTACT
 ACTATATTGTTGATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 3 (continuación)

SEQ ID NO 50: gi_1418339_ref_CAA67236.1, 2xC2H2, Arabidopsis thaliana

MGQDEVGSDQTQIIK GKRTKRQRSSSTFVVTAATTVTSTSSSAGGSGGERAVSDEYN SAVSS
PVTTDCTQEEEDMAICLI MLARGTVLPSPDLKNSRKIHQKISSENSSFYVYECKTCNRTFSS
FQALGGHRASHKKPRTSTEEKTRLPLTQPKSSASEEGQNSHFKVSGSALASQASNIINKANK
VHECSICGSEFTSGQALGGHMRRHRTAVTTISPVAATAEVS RNSTEEIEINIGRSMEQQRK
YLPLDLNLPAPGDDLRESKFQGIVFSATPALIDCHY

FIGURA 3 (continuación)

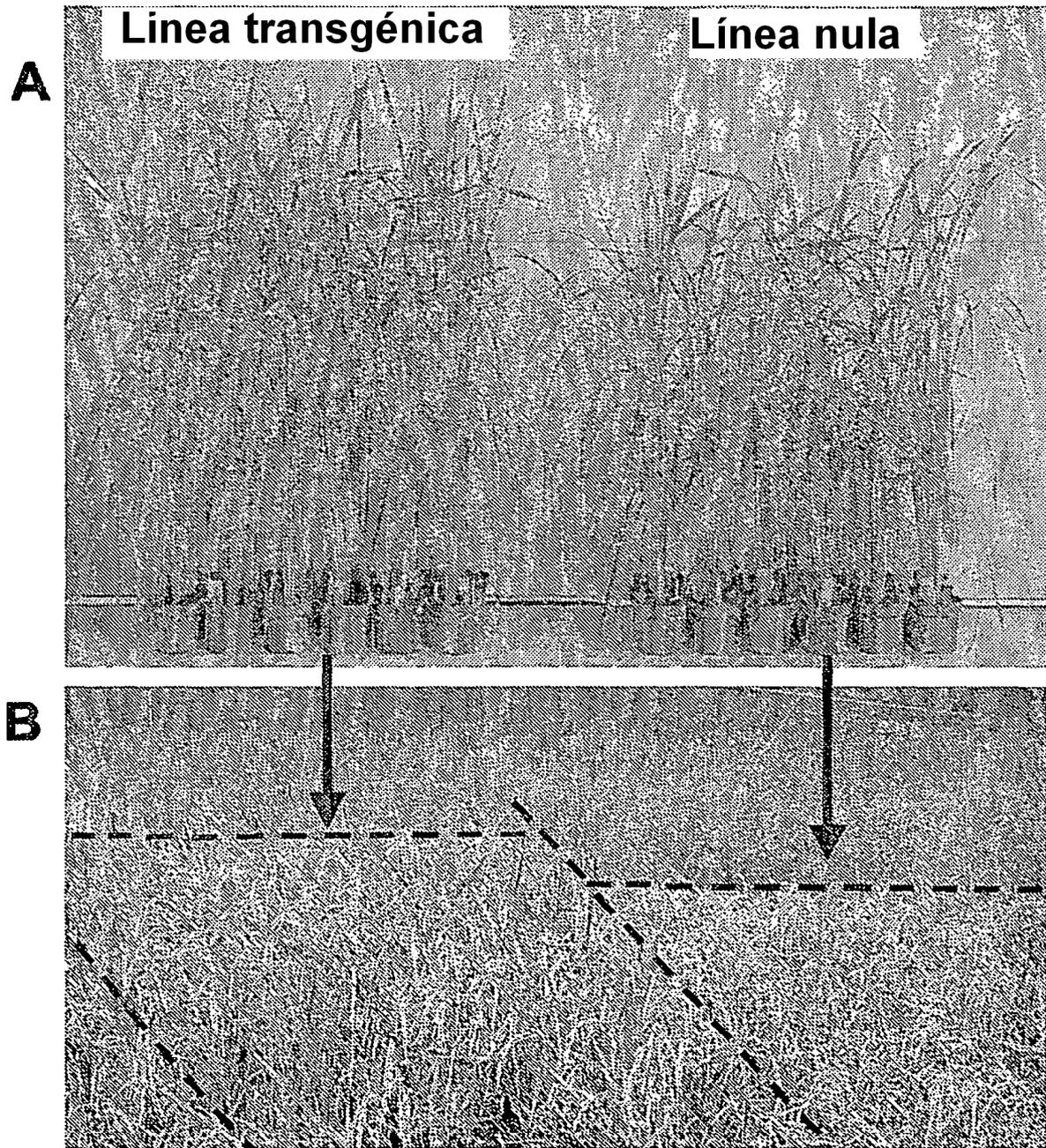


FIGURA 4

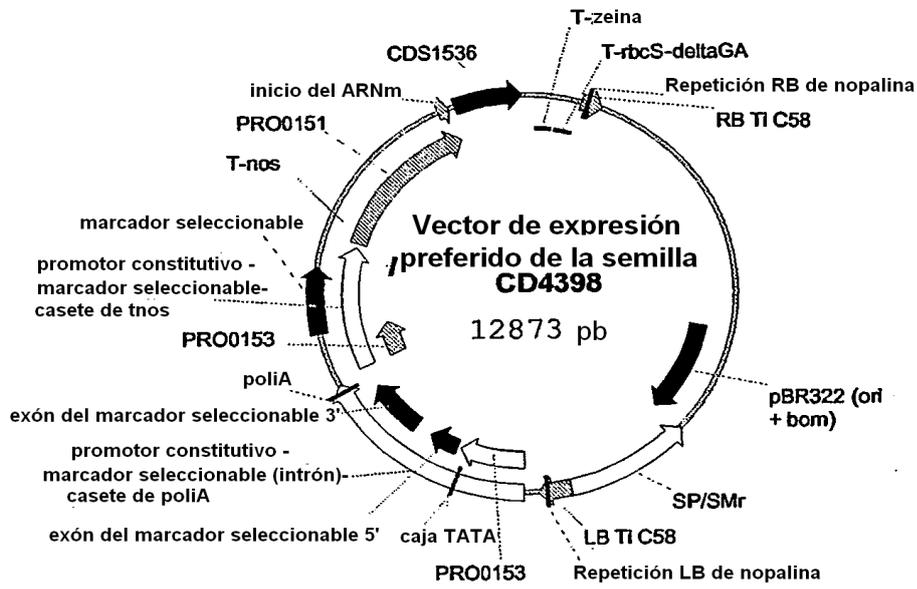


FIGURA 5