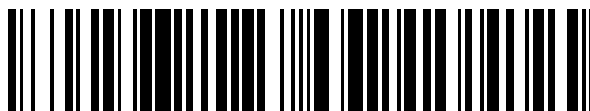


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 375 923**

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

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 96 Número de solicitud europea: **09175946 .4**
96 Fecha de presentación: **04.02.2004**
97 Número de publicación de la solicitud: **2180055**
97 Fecha de publicación de la solicitud: **28.04.2010**

54 Título: **PROMOTORES DE ARROZ.**

30 Prioridad:
04.02.2003 EP 03075331

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
07.03.2012

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
07.03.2012

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

72 Inventor/es:
Broekaert, Willem y
Hatzfeld, Yves

74 Agente/Representante:
Carvajal y Urquijo, Isabel

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).

ES 2 375 923 T3

DESCRIPCIÓN

Promotores de arroz

La presente invención se relaciona con el campo de biología molecular de las plantas, más particularmente con secuencias de ácido nucleico útiles para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado en plantas. Se divulga el aislamiento de estas secuencias de ácido nucleico del arroz, así como su uso para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado. La presente invención se relaciona por lo tanto con promotores, promotores híbridos, construcciones genéticas, casetes de expresión, vectores de transformación, vectores de expresión, células huésped y plantas transgénicas que contienen a los ácidos nucleicos aislados de acuerdo con la presente invención. La presente invención también se relaciona con métodos para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico y con métodos para la producción de plantas transgénicas.

La expresión génica depende de la iniciación de la transcripción, que es mediada a través del complejo de iniciación de la transcripción. La expresión génica también depende de la regulación de la transcripción, la cual determina que tan fuerte, cuándo o donde se expresa un gen. Dicha regulación de la expresión génica puede ser mediada a través de elementos de control transcripcional, que están generalmente embebidos en la secuencia de ácido nucleico que flanquea a 5' o secuencia arriba del gen expresado. Esta región secuencia arriba del ácido nucleico es a menudo denominada como "promotora" ya que promueve el enlazamiento, la formación y/o la activación del complejo de iniciación de la transcripción y por lo tanto es capaz de dirigir y/o de regular la expresión de la secuencia de ácido nucleico secuencia abajo 3'.

La modificación por medio de ingeniería genética de plantas con el ánimo de obtener un fenotipo de planta útil, a menudo involucra expresión génica heteróloga, que es generalmente mediada por un promotor capaz de dirigir y/o de regular la expresión de un ácido nucleico heterólogo operativamente enlazado. El fenotipo de la planta huésped no depende únicamente de la contribución del ácido nucleico heterólogo, sino también de la contribución del patrón específico de expresión del promotor escogido que determina cómo, donde y cuando se expresa ese ácido nucleico heterólogo. Por lo tanto, la escogencia del promotor con un patrón de expresión adecuado es de importancia crucial para obtener el fenotipo adecuado. Una persona capacitada en el arte deberá tener diferentes promotores disponibles, para determinar al promotor óptimo para un ácido nucleico particular. Para muchas plantas huésped diferentes, esta disponibilidad está bastante limitada y por lo tanto existe la necesidad permanente de proveer nuevos promotores con diferentes perfiles de expresión. El ácido nucleico como el presentado en la SEQ ID NO. 14 fue aislado de *Oryza sativa* y se ha encontrado que es capaz de dirigir y regular la expresión en tejido verde de una planta de un ácido nucleico operativamente enlazado. Por lo tanto la presente invención ofrece un ácido nucleico aislado desconocido hasta ahora, el cual es útil como promotor.

Por lo tanto, la presente invención provee

i) un promotor aislado capaz de dirigir y/o de regular la expresión en tejido verde de una planta, que comprende:

(a) un ácido nucleico aislado como el presentado en la SEQ ID NO. 14 o el complemento de la SEQ ID NO. 1; o

(b) un ácido nucleico aislado que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con secuencias de ADN como las presentadas en la SEQ ID NO. 14; o

(c) un ácido nucleico aislado que hibrida específicamente bajo condiciones rigurosas con secuencias de ADN como las presentadas en la SEQ ID NO. 14; o

(d) un ácido nucleico aislado como el definido en cualquiera de los ítems (a) hasta (c), que está interrumpido por una secuencia interviniente; o

(e) un fragmento de al menos 250 pb de cualquiera de los ácidos nucleicos como los definidos en (a) hasta (d), cuyo fragmento es capaz de dirigir y/o de regular la expresión y

ii) una secuencia de ácido nucleico heterólogo operativamente enlazada a un promotor aislado de (a), y opcionalmente

iii) un terminador 3' de la transcripción.

El término "aislado" como se utiliza aquí significa que ha sido removido de su fuente original. Preferiblemente, el promotor "aislado" está libre de secuencias (tal como secuencias que codifican proteína u otras secuencias en el extremo 3') que naturalmente flanquean al promotor en el ADN genómico del organismo del cual se deriva el

promotor. Preferiblemente además, el promotor "aislado" está libre también de secuencias que naturalmente lo flanquean en el extremo 5'. Preferiblemente además, el promotor "aislado" puede incluir aproximadamente menos de 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1.5 kb, 1.2 kb, 1 kb, 0.8 kb, 0.5 kb ó 0.1 kb de secuencias de ácido nucleico que naturalmente se presentan con el promotor en el ADN genómico del organismo del cual se deriva el promotor.

- 5 La presente solicitud no está limitada a ácidos nucleicos como los presentados por la SEQ ID NO. 14. Una persona capacitada en el arte se dará cuenta que pueden presentarse variantes o fragmentos de un ácido nucleico, mientras se mantenga la misma funcionalidad. Estas variantes o fragmentos pueden ser hechos por el hombre (por ejemplo por medio de ingeniería genética) o incluso pueden presentarse en la naturaleza. Por lo tanto la presente solicitud se extiende a diferentes ácidos nucleicos y fragmentos de la SEQ ID NO. 14, en donde las variantes o fragmentos son
10 útiles en los métodos de la presente invención. Tales variantes y fragmentos incluyen:

(a) un ácido nucleico aislado como el presentado en la SEQ ID NO. 14 o el complemento de la SEQ ID NO. 14; o

(b) un ácido nucleico aislado que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con secuencias de ADN como las presentadas en la SEQ ID NO. 14; o

- 15 (c) un ácido nucleico aislado que hibrida específicamente bajo condiciones rigurosas con secuencias de ADN como las presentadas en la SEQ ID NO. 14; o

(d) un ácido nucleico aislado como el definido en cualquiera de los ítems (a) hasta (c), que está interrumpido por una secuencia interviniente; o

(e) un fragmento de al menos 250 pb de cualquiera de los ácidos nucleicos como los definidos en (a) hasta (d), cuyo fragmento es capaz de dirigir y/o de regular la expresión.

- 20 Las variantes adecuadas de la SEQ ID NO. 14 abarcan homólogos que tienen en orden creciente de preferencia al menos 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% ó 99% de identidad de secuencia con ácidos nucleicos como los representados en la SEQ ID NO. 14.

- El porcentaje de identidad puede ser calculado utilizando un programa de alineación. Preferiblemente se puede utilizar un programa de alineación global por parejas, que implementa el algoritmo de Needleman-Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443 - 453, 1970). Este algoritmo maximiza el número de coincidencia y minimiza el número de brechas. Tales programas son por ejemplo GAP, Needle (paquete EMBOSS), ensanchador (paquete EMBOSS) o Align X (Vector NTI suite 5.5) y pueden utilizar los parámetros estándar (por ejemplo penalización por abertura de brecha de 6,66). Alternativamente, se puede utilizar un programa de alineación local que implementa el algoritmo de Smith-Waterman (Advances in Applied Mathematics 2, 482 - 489 (1981)). Tales programas son por ejemplo Water (paquete EMBOSS) o emparejador (paquete EMBOSS). "Identidad de secuencia" como se utiliza aquí se calcula preferiblemente sobre la longitud completa de promotores como los representados por la SEQ ID NO. 14. La longitud de este promotor está presentada en la Tabla 2.
- 25
30

- La búsqueda e identificación de ácidos nucleicos homólogos, estaría dentro del campo de conocimientos de una persona capacitada en el arte. Tales métodos, involucran la escogencia en bases de datos de secuencias con las secuencias suministradas por la presente invención, por ejemplo la SEQ ID NO. 14, preferiblemente en una forma que puede ser leída por un ordenador. Las bases de datos de secuencias útiles, 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://w.ebi.ac.uk/ebi-docs/embl-db.html>) o versiones de la misma, o la base de datos MIPS (<http://mips.gsf.de/>). Se conocen bien en el arte diferentes algoritmos y programas de búsqueda para la alineación y comparación de secuencias. Tales programas incluyen, por ejemplo GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. Preferiblemente se utiliza el programa BLAST, que calcula el porcentaje de identidad de secuencia y realiza un análisis estadístico de la similitud entre las secuencias. El juego de programas denominado como programas BLAST tiene 5 usos diferentes: tres diseñados para preguntas de secuencias de nucleótidos (BLASTN, BLASTX, y TBLASTX) y dos diseñados para preguntas de secuencias de proteínas (BLASTP y TBLASTN) (Coulson, Trends in Biotechnology: 76 - 80, 1994; Birren et al., GenomeAnalysis, 1: 543, 1997). El programa para llevar a cabo el análisis por BLAST se encuentra públicamente disponible a través del National Centre for Biotechnology Information.
- 35
40
45

- Las secuencias del genoma de *Arabidopsis thaliana* y el genoma de *Oryza sativa* se encuentran ahora disponibles en bases de datos públicas tales como el Genbank. Otros genomas están siendo secuenciados actualmente. Por lo tanto, se espera que entre más secuencias de los genomas de otras plantas se encuentren disponibles, se pueden identificar promotores homólogos por medio de alineación de secuencias con la SEQ ID NO. 14. La persona experta podría encontrar fácilmente promotores homólogos de otras especies de plantas, por ejemplo de otras plantas de cultivo, tales como maíz. Los promotores homólogos de otras plantas de cultivo son especialmente útiles para llevar a cabo los métodos de la presente invención en plantas de cultivo.
- 50

Un ejemplo de homólogos que tienen al menos 90% de identidad de secuencia con la SEQ ID NO. 14 son variantes alélicas de la SEQ ID NO. 14. Las variantes alélicas son variantes del mismo gen que se presentan en dos individuos diferentes de la misma especie y usualmente las variantes alélicas se diferencian por medio de ligeros cambios en la secuencia. Las variantes alélicas pueden incluir a los Polimorfismos de Nucleótidos Individuales (SNP por sus siglas en inglés) así como Polimorfismos Pequeños de Inserción/Supresión (INDEL por sus siglas en inglés). El tamaño de los INDEL es usualmente menor a 100 pb. Los SNP y los INDEL forman el conjunto más grande de variantes de secuencia en cepas polimórficas de origen natural de la mayoría de los organismos.

Los homólogos adecuados para uso en los métodos de acuerdo con la invención pueden ser aislados fácilmente a partir de su organismo fuente a través de la técnica de PCR o de hibridación. Su capacidad de dirigir y/o de regular la expresión puede ser fácilmente determinada, por ejemplo, siguiendo los métodos descritos en la sección de Ejemplos simplemente sustituyendo la secuencia utilizada en el Ejemplo real con el homólogo.

Otras variantes adecuadas de la SEQ ID NO. 14 abarcadas por la presente solicitud son los ácidos nucleicos que hibridan específicamente bajo condiciones rigurosas con el ácido nucleico de la SEQ ID NO. 14. El término "hibridación" significa el apareamiento con secuencias complementarias de nucleótidos sustancialmente homólogas en un proceso de hibridación. Las herramientas en biología molecular confían en tales procesos de hibridación que incluyen la reacción en cadena de la polimerasa (PCR; y todos los métodos basados en la misma), hibridación sustractiva, extensión aleatoria del iniciador, mapeo de la nucleasa S1, extensión del iniciador, transcripción inversa, síntesis de ADNc, despliegue diferencial de los ARN, y determinación de la secuencia de ADN, transferencias tipo Northern (transferencias de ARN), transferencias tipo Southern (transferencias de ADN). El proceso de hibridación puede presentarse también con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados a una matriz tal como perlas magnéticas, perlas de Sefarosa o cualquier otra resina. Las herramientas en biología molecular confían en procesos que incluyen el asilamiento de ARNm poli(A+). El proceso de hibridación puede presentarse además con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados a un soporte sólido tal como una membrana de nylon o de nitrocelulosa o inmovilizados por ejemplo por medio de fotolitografía, por ejemplo a un soporte de vidrio síliceo (este último conocido como arreglos o microarreglos de ácido nucleico o como chips de ácido nucleico). Las herramientas en biología molecular confían en un proceso que incluye análisis de transferencias en gel de ARN y de ADN, hibridación de colonias, hibridación en placa, hibridación *in situ* e hibridación de microarreglos. Con el propósito de permitir que ocurra la hibridación, se desnaturalizan generalmente térmica o químicamente las moléculas de ácido nucleico para fundir una cadena doble en dos cadenas individuales y/o para remover horquillas u otras estructuras secundarias de los 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 convencionales de hibridación están descritas, por ejemplo, en Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3rd Edition Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York, el experto se dará cuenta que se pueden diseñar muchas condiciones de hibridación diferentes en función de la homología y/o la longitud conocida o esperada de la secuencia de ácido nucleico. Las condiciones de alta rigurosidad para hibridación incluyen alta temperatura y/o baja concentración de sal/sodio (sales que incluyen sodio como por ejemplo en NaCl y en citrato Na₃) y/o la inclusión de formamida en el amortiguador de hibridación y/o la disminución de la concentración de compuestos tales como SDS (detergente dodecil sulfato de sodio) en el amortiguador de hibridación y/o exclusión de compuestos tales como sulfato de dextrano o polietilén glicol (que promueve aglutinación molecular) del amortiguador de hibridación. Específicamente, hibridación bajo condiciones rigurosas significa que las secuencias tienen que ser muy similares. La hibridación específica bajo condiciones rigurosas se lleva a cabo preferiblemente a una temperatura de 60°C seguida por lavados en 0,1 hasta 1X SSC, 0,1X SDS, y 1X SSC, 0,1X SDS.

La solicitud también se relaciona con una molécula de ácido nucleico de al menos 15 nucleótidos de longitud que hibrida específicamente con cualquiera de los ácidos nucleicos de la invención. La solicitud también se relaciona con una molécula de ácido nucleico de al menos 15 nucleótidos de longitud que amplifica específicamente un ácido nucleico de la invención por medio de la reacción en cadena de la polimerasa.

Otra variante de la SEQ ID NO. 14 abarcada por la presente solicitud son los ácidos nucleicos correspondientes a la SEQ ID NO. 14 o variantes de la misma como se describe aquí más arriba, que están interrumpidos por una secuencia interviniente. Por ejemplo, ácidos nucleicos como los presentados en la SEQ ID NO. 14 pueden ser interrumpidos por una secuencia interviniente. Con "secuencias intervinientes" se entiende cualquier ácido nucleico o nucleótido, que interrumpe otra secuencia. Los ejemplos de secuencias intervinientes incluyen intrones, etiquetas de ácido nucleico, T-ADN y secuencias móviles de ácido nucleico tales como transposones o ácidos nucleicos que pueden ser movilizados a través de recombinación. Los ejemplos de transposones particulares incluyen *Ac* (activador), *Ds* (Disociación), *Spm* (supresor-Mutador) o *En*. La introducción de intrones dentro de los promotores es ampliamente aplicada hoy en día. Los métodos de acuerdo con la presente invención pueden también ser realizados utilizando una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la SEQ ID NO. 14 provista de un intrón. En el caso en que la secuencia interviniente sea un intrón, pueden surgir variantes alternativas de empalme de los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención. El término "variante alternativa de empalme" como se utiliza aquí abarca variantes de una secuencia de ácido nucleico en la cual se han cortado, reemplazado o añadido los intrones

intervinientes. Tales variantes de empalme pueden ser encontradas en la naturaleza o ser elaboradas por el hombre. Los métodos para elaborar tales promotores con un intrón o para elaborar las correspondientes variantes de empalme son bien conocidos en el arte.

5 Las variantes interrumpidas por una secuencia interviniente, 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.

10 Las variantes de ácidos nucleicos como se describe aquí más arriba pueden ser encontradas en la naturaleza (por ejemplo variantes alélicas o variantes de empalme). Adicionalmente y/o alternativamente, el hombre puede elaborar variantes de cualquiera de las SEQ ID NO. 14 como se describió aquí anteriormente a través de técnicas bien conocidas en el arte que involucran por ejemplo mutación, sustitución, inserción, supresiones o derivación. La presente solicitud también abarca tales variantes, así como su uso en los métodos de la presente invención.

15 Una "variante de mutación" de un ácido nucleico puede ser fácilmente elaborada utilizando técnicas de manipulación de ADN recombinante o síntesis de nucleótidos. Los ejemplos de tales técnicas incluyen mutagénesis dirigida al sitio a través de mutagénesis M13, mutagénesis del Gen T7 *in vitro* (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. Alternativamente, el ácido nucleico de la presente invención puede ser mutado en forma aleatoria.

20 Una "variante de sustitución" se refiere a aquellas variantes en las cuales al menos un residuo en la secuencia de ácido nucleico ha sido removido y se ha insertado un residuo diferente en su lugar. Las sustituciones de ácido nucleico son típicamente de residuos individuales, pero pueden ser agrupadas dependiendo de las restricciones funcionales ubicadas sobre la secuencia de ácido nucleico; las inserciones usualmente son del orden de aproximadamente 1 hasta aproximadamente 10 residuos de ácido nucleico, y las supresiones pueden estar en el rango aproximadamente desde 1 hasta aproximadamente 20 residuos.

25 Una "variante de inserción" de un ácido nucleico es una variante en la cual se introducen uno o más residuos de ácido nucleico en un sitio predeterminado en ese ácido nucleico. Las inserciones pueden incluir fusiones en el terminal 5' y/o en el terminal 3' así como inserciones dentro de la secuencia de múltiples nucleótidos o de nucleótidos individuales. Generalmente, las inserciones dentro de la secuencia de ácido nucleico serán más pequeñas que las fusiones en el terminal 5' o en el terminal 3', del orden aproximadamente de 1 a 10 residuos. Los ejemplos de fusiones en el terminal 5' o en el terminal 3' incluyen las secuencias de codificación de dominios de
30 enlazamiento o dominios de activación de un activador transcripcional como el utilizado en el sistema de doble híbrido en levadura o sistema de un híbrido en levadura, o de proteínas de recubrimiento de fago, etiqueta de (histidina)₆, etiqueta de glutatión S-transferasa, proteína A, proteína de enlazamiento de maltosa, deshidrofolato reductasa, epítipo de Tag*100, epítipo de c-myc, epítipo de FLAG[®], lacZ, CMP (péptido de enlazamiento de calmodulina), epítipo de HA, epítipo de proteína C y epítipo del VSV.

35 El término "derivado" de un ácido nucleico puede incluir sustituciones, y/o supresiones y/o adiciones de residuos de ácido nucleico de origen natural y no natural comparado con el ácido nucleico natural. Los derivados pueden, por ejemplo, incluir nucleótidos metilados, o nucleótidos artificiales.

40 También están incluidos dentro de la presente solicitud promotores, que contienen un fragmento de cualquier ácido nucleico como el representado por la SEQ ID NO. 14 o variantes del mismo como se describió aquí anteriormente. Un "fragmento" como se utiliza aquí significa una porción de una secuencia de ácido nucleico. Los fragmentos adecuados útiles en los métodos de la presente invención son fragmentos funcionales, que retienen al menos una de las partes funcionales del promotor y por lo tanto son capaces aún de dirigir y/o de regular la expresión. Los ejemplos de fragmentos funcionales de un promotor incluyen al promotor mínimo, los elementos reguladores secuencia arriba, o cualquier combinación de los mismos.

45 Los fragmentos adecuados pueden estar en el rango desde aproximadamente al menos 20 pares de bases o aproximadamente 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950 ó 1000 pares de bases, hasta aproximadamente la secuencia de longitud completa de la invención. Estos pares de bases están típicamente inmediatamente secuencia arriba del arranque del inicio de la transcripción, pero alternativamente pueden ser de cualquier parte en la secuencia del promotor.

50 Los fragmentos adecuados útiles en los métodos de la presente invención pueden ser analizados por su capacidad para dirigir y/o regular la expresión por medio de técnicas estándar bien conocidas por la persona capacitada, o por medio del siguiente método descrito en la sección de Ejemplos.

Se aísla un promotor como el divulgado en la SEQ ID NO. 14 como un ácido nucleico de aproximadamente 1,2 kb de la región secuencia arriba de las secuencias particulares de codificación del arroz (CDS). Este ácido nucleico

puede incluir elementos típicos de un promotor, que están presentadas en la Figura 1. Generalmente, un promotor puede incluir desde una secuencia de codificación hasta la dirección secuencia arriba: (i) un 5'UTR de ARN premensajero, (ii) un promotor mínimo que contiene el elemento de iniciación de la transcripción (INR) y más secuencia arriba una caja TATA, y (iii) puede contener elementos reguladores que determinan el patrón específico de expresión del promotor.

El término "promotor" como se utiliza aquí es tomado en un contexto amplio y se refiere a secuencias reguladoras de ácido nucleico capaces de efectuar (dirigir y/o regular) la expresión de las secuencias a las cuales ellas están operativamente enlazadas. Un "promotor" abarca secuencias reguladoras transcripcionales derivadas de un gen genómico clásico. Usualmente un promotor incluye una caja TATA, que es capaz de dirigir al complejo de iniciación de la transcripción al sitio de partida apropiado de iniciación de la transcripción. Sin embargo, algunos promotores no tienen una caja TATA (promotores sin TATA), pero aún son completamente funcionales para dirigir y/o regular la expresión. Un promotor puede incluir adicionalmente una secuencia de caja CCAAT y elementos reguladores adicionales (es decir, secuencias de activación secuencia arriba o elementos cis tales como reforzadores y silenciadores). Un "promotor" puede incluir también las secuencias reguladoras de la transcripción de un gen procariota clásico, en cuyo caso este puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladoras de la transcripción de caja -10.

"Dirección de la expresión" como se utiliza aquí significa la promoción de la transcripción de un ácido nucleico.

"Regulación de la expresión" como se utiliza aquí significa influenciar el nivel, el tiempo o el lugar de la transcripción de un ácido nucleico. Los promotores de la presente invención pueden ser utilizados por lo tanto para incrementar, disminuir o cambiar en el tiempo y/o el lugar de la transcripción de un ácido nucleico. Por ejemplo, pueden ser utilizados para limitar la transcripción a ciertos tipos de células, tejidos u órganos, o durante un cierto periodo de tiempo, o en respuesta a ciertas condiciones ambientales.

El promotor es preferiblemente un promotor expresable de una planta. El término "expresable de una planta" significa que es capaz de regular la expresión en una planta, célula de la planta, tejido de la planta y/o, órgano de la planta.

El patrón de expresión de los promotores de acuerdo con la presente invención fue estudiado en detalle y se encontró que muchos de ellos eran específicos del tejido. Por lo tanto, la presente invención provee promotores "específicos del tejido". El término "específico del tejido" se usará para indicar que la expresión está predominantemente en un tejido particular, tipo de tejido, órgano o cualquier otra parte del organismo aunque no necesariamente exclusivamente en dicho tejido, tipo de tejido, órgano u otra parte. Por lo tanto, la invención abarca un ácido nucleico aislado como se mencionó anteriormente, capaz de dirigir y/o de regular la expresión (de un ácido nucleico operativamente enlazado) en una forma específica del tejido. La expresión puede ser dirigida y/o regulada en la semilla, embrión, escutelo, aleurona, endospermo, hojas, flores, callos, meristemo, meristemo de brote, centro de discriminación, brote, meristemo de brote y raíz. En gramíneas el meristemo de brote se localiza en la así llamada zona de discriminación desde donde se originan el brote y las hojas.

Un promotor específico del tejido es un ejemplo del así llamado "promotor regulado". Estos promotores son regulados por señales endógenas tales como la presencia de ciertos factores de transcripción, metabolitos, hormonas de la planta, o señales exógenas, tales como envejecimiento, estreses o estado nutricional. Estas regulaciones pueden tener un efecto sobre uno o más niveles diferentes como especificidad espacial o especificidad temporal. Abarcado dentro de la presente invención está un ácido nucleico como se describió aquí anteriormente, que es un "promotor regulado". Ejemplos de promotores regulados son los promotores específicos de la célula, promotores específicos del tejido, promotores específicos de órganos, promotores específicos del ciclo celular, promotores inducibles o promotores específicos de tejido joven.

Alternativa y/o adicionalmente, algunos promotores de la presente invención muestran un patrón de expresión constitutivo. Por lo tanto, la presente invención provee un promotor como se describió aquí anteriormente, que es un promotor constitutivo. El término "constitutivo" significa que no tiene o que tiene muy pocas regulaciones espaciales o temporales. El término "expresión constitutiva" como se utiliza aquí se refiere a una expresión sustancialmente continua en sustancialmente todos los tejidos del organismo. La persona calificada comprenderá que un "promotor constitutivo" es un promotor que es activo durante la mayor parte, pero no necesariamente todas, las fases de crecimiento y desarrollo del organismo y a través de la mayor parte, pero no necesariamente todas, las partes de un organismo.

El "patrón de expresión" de un promotor no está influenciado únicamente por los aspectos espacial y temporal, sino también por el nivel de expresión. El nivel de expresión se determina por la así llamada "fuerza" de un promotor. Dependiendo del nivel de expresión resultante, se hace una distinción aquí entre promotores "débiles" o "fuertes". Generalmente por "promotor débil" se entiende un promotor que dirige la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado en niveles aproximadamente de 1/10000 transcritos hasta aproximadamente 1/100000

transcriptos hasta aproximadamente 1/500000 transcriptos. Generalmente, por “promotor fuerte” se entiende un promotor que dirige la expresión en niveles aproximadamente de 1/10 transcriptos hasta aproximadamente 1/100 o hasta aproximadamente 1/1000 transcriptos.

- De acuerdo con una modalidad particular, la invención provee un promotor aislado como se mencionó aquí anteriormente, que es un promotor híbrido. El término “promotor híbrido” como se utiliza aquí se refiere a un promotor quimérico elaborado, por ejemplo, en forma sintética, por ejemplo por medio de ingeniería genética. Los promotores híbridos preferidos de acuerdo con la presente invención incluyen una parte, preferiblemente una parte funcional, de uno de los promotores de acuerdo con la presente invención y al menos otra parte, preferiblemente una parte funcional de un promotor. La última parte, puede ser una parte de cualquier promotor, incluido cualquiera de los promotores de acuerdo con la presente invención y otros promotores. Un ejemplo de un promotor híbrido comprende un elemento(s) regulador(es) de un promotor de acuerdo con la presente invención combinado con el promotor mínimo de otro promotor. Otro ejemplo de un promotor híbrido es un promotor que comprende elementos reguladores adicionales para mejorar adicionalmente su actividad y/o para alterar su patrón de expresión espacial y/o temporal.
- La presente invención también provee el uso de un fragmento funcional de la SEQ ID NO. 14 o una variante de la misma para cambiar el patrón de expresión de un promotor. En tales métodos, al menos parte de cualquiera de los ácidos nucleicos de acuerdo con la presente invención se combinan con al menos un fragmento de otro promotor.

Además, la invención provee una construcción genética que comprende:

- (a) Un promotor aislado como el definido aquí anteriormente
- (b) Una secuencia de ácido nucleico heterólogo operativamente enlazada a un promotor aislado de (a), y opcionalmente
- (c) Un terminador de la transcripción 3'

El término “construcción genética” como se utiliza aquí significa un ácido nucleico elaborado por medio de ingeniería genética.

- El término “operativamente enlazado” a un promotor como se utiliza aquí significa que la transcripción está dirigida y/o regulada por ese promotor. Una persona capacitada en el arte comprenderá que estando operativamente enlazado a un promotor preferiblemente significa que el promotor está posicionado secuencia arriba (es decir en el extremo 5') del ácido nucleico operativamente enlazado. La distancia al ácido nucleico operativamente enlazado puede ser variable, siempre que el promotor de la presente invención sea capaz de dirigir y/o de regular la transcripción del ácido nucleico operativamente enlazado. Por ejemplo, entre el promotor y el ácido nucleico operativamente enlazado, puede haber un sitio de clonación, un adaptador, un reforzador de la transcripción o de la traducción.

- El ácido nucleico operativamente enlazado puede ser cualquier ácido nucleico codificador o no codificador. El ácido nucleico operativamente enlazado puede estar en la dirección sentido o en la dirección antisentido. Típicamente en el caso de la modificación por ingeniería genética de células huésped, el ácido nucleico operativamente enlazado es introducido en la célula huésped y se pretende que cambie el fenotipo de la célula huésped. Alternativamente, el ácido nucleico operativamente enlazado es un ácido nucleico endógeno de la célula huésped.

- El término “heterólogo” como se utilizan aquí se pretende que sea “heterólogo al promotor de la presente invención”. Un ácido nucleico que es heterólogo al promotor de la presente invención no es de origen natural en la secuencia de ácido nucleico que flanquean al promotor de la presente invención cuando está en su ambiente genómico biológico. Aunque el ácido nucleico puede ser heterólogo al promotor de la presente invención, puede ser homólogo o nativo o heterólogo o extraño a la célula huésped de la planta. El ácido nucleico heterólogo operativamente enlazado puede ser cualquier ácido nucleico (por ejemplo que codifica cualquier proteína) siempre y cuando incluya o este flanqueado por al menos un nucleótido que normalmente no esté flanqueando al promotor de la presente invención.

- El término “terminador de la transcripción” como se utiliza en (c) se refiere a una secuencia de ADN en el extremo de una unidad transcripcional que señala la terminación de la transcripción. Los terminadores son secuencias de ADN 3' no traducidas que usualmente contiene una señal de poliadenilación, que facilita la adición de secuencias de poliadenilato al extremo 3' de un transcripto primario. Los terminadores activos en, y/o aislados a partir de virus, levaduras, mohos, bacterias, insectos, aves, mamíferos y plantas son conocidos y han sido descritos en la literatura. Los ejemplos de terminadores adecuados para uso en las construcciones genéticas de la presente invención incluyen al terminador del gen de nopalina sintasa (NOS) de *Agrobacterium tumefaciens*, a la secuencia terminadora del gen de octopina sintasa (OCS) de *Agrobacterium tumefaciens*, a la secuencia terminadora del gen 35S del virus

del mosaico de la Coliflor (CaMV), la secuencia terminadora de la ADP-glucosa pirofosforilasa de *Oryza sativa* (t3'Bt2), a la secuencia terminadora del gen de la zeína de *Zea mays*, al terminador del gen *rbcS-1A* y a las secuencias terminadores del gen *rbcS-3A*, entre otras.

La presente invención también provee un casete de expresión, un vector de transformación o un vector de expresión de la planta que comprende una construcción genética como la descrita anteriormente.

Un "casete de expresión" como se utiliza aquí se refiere a una construcción genética mínima necesaria para la expresión de un ácido nucleico. Un casete de expresión típico incluye una combinación promotor-gen-terminador. Un casete de expresión puede incluir adicionalmente sitio de clonación, por ejemplo sitios de recombinación Gateway TM o sitios de reconocimiento de la enzima de restricción, para permitir la clonación fácil del ácido nucleico operativamente enlazado o para permitir la transferencia fácil del casete de expresión dentro de un vector. Un casete de expresión puede incluir además regiones no traducidas 5', regiones no traducidas 3', un marcador seleccionable, reforzadores de transcripción o reforzadores de traducción.

Con "vector de transformación" se entiende una construcción genética, que puede ser introducida en un organismo por medio de transformación y que puede ser mantenida en forma estable en dicho organismo. Algunos vectores pueden ser mantenidos por ejemplo en *Escherichia coli*, *A. tumefaciens*, *Saccharomyces cerevisiae* o *Schizosaccharomyces pombe*, mientras que otros tales como fagémidos y vectores cósmidos, pueden ser mantenidos en bacterias y/o en virus. Los vectores de transformación pueden ser multiplicados en su célula huésped y pueden ser aislados nuevamente a partir de allí para ser transformados en otra célula huésped. Las secuencias de vectores generalmente incluyen un conjunto de sitios únicos reconocidos por enzimas de restricción, el sitio de clonación múltiple (MCS) en donde una o más secuencias pueden ser insertadas. Las secuencias del vector pueden incluir adicionalmente un origen de replicación que es requerido para el mantenimiento y/o la replicación en una célula huésped específica. Los ejemplos de orígenes de replicación incluyen, pero no se limitan a, el f1-ori y colE1.

Los "vectores de expresión" forman un subgrupo de vectores de transformación, que, en virtud de incluir las secuencias reguladoras apropiadas, permiten la expresión de la(s) secuencia(s) no vectorial(es) insertada(s). Se ha descrito que los vectores de expresión son adecuados para expresión en bacterias (por ejemplo *E. coli*), hongos (por ejemplo *S. cerevisiae*, *S. pombe*, *Pichia pastoris*), células de insecto (por ejemplo vectores de expresión baculovirales), células animales (por ejemplo COS o células CHO) y células vegetales. Un vector de expresión adecuado de acuerdo con la presente invención es un vector de expresión de una planta, útil para la transformación de células vegetales, la integración estable en el genoma de la planta, el mantenimiento en la célula de la planta y la expresión de las secuencias no vectoriales en la célula de la planta.

Típicamente, un vector de expresión de una planta de acuerdo con la presente invención incluye un ácido nucleico de la SEQ ID NO. 14 o una variante del mismo como se describió aquí anteriormente, opcionalmente operativamente enlazado a un segundo ácido nucleico. Típicamente un vector expresable de una planta de acuerdo con la presente invención, incluye además regiones de T-ADN para integración estable dentro del genoma de la planta (por ejemplo las regiones del borde izquierdo y del borde derecho del plásmido Ti).

Las construcciones genéticas de la invención pueden incluir además un "marcador seleccionable". Como se utiliza aquí, el término "marcador seleccionable" incluye cualquier gen, que confiera un fenotipo a una célula en la cual se exprese, para facilitar la identificación y/o la selección de células que son transfectadas o transformadas. Los marcadores adecuados pueden ser seleccionados a partir de los marcadores que confieren resistencia a antibióticos o a herbicidas. Las células que contienen la construcción genética sobrevivirán por lo tanto a concentraciones de antibióticos o de herbicidas que matan células no transformadas. Los ejemplos de genes marcadores seleccionables incluyen genes que confieren resistencia a antibióticos (tales como nptII que codifica neomicina fosfotransferasa capaz de fosforilar neomicina y kanamicina o hpt que codifica higromicina fosfotransferasa capaz de fosforilar higromicina), a herbicidas (por ejemplo bar que proporciona resistencia a Basta; aroA o gox que proporciona resistencia contra el glifosato), o genes que provean un rasgo metabólico (tales como mana que permite que las plantas utilicen manosa como única fuente de carbono). Los genes marcadores visuales resultan en la formación de color (por ejemplo beta-glucuronidasa, GUS), luminiscencia (tal como luciferasa) o fluorescencia (Proteína Fluorescente Verde, GFP, y derivados de la misma). Ejemplos adicionales de genes marcadores seleccionables adecuados incluyen el gen de resistencia a la ampicilina (Ampr), gen de resistencia a la tetraciclina (Tcr), gen de resistencia a la kanamicina bacteriana (Kanr), gen de resistencia a la fosfotricina, y el gen de la cloranfenicol acetiltransferasa (CAT), entre otros.

Además, la presente invención abarca una célula huésped que contiene un promotor aislado, o una construcción genética, o un casete de expresión, o un vector de transformación o un vector de expresión de acuerdo con la invención como se describió aquí anteriormente. En modalidades particulares de la invención, se selecciona la célula huésped entre células huésped de bacterias, algas, hongos, levaduras, plantas, insectos o animales.

En una modalidad particular, la invención provee una célula de una planta transgénica que incluye un promotor aislado de acuerdo con la invención, o un ácido nucleico aislado, o una construcción genética, o un casete de expresión, o un vector de transformación o un vector de expresión de acuerdo con la invención como se describió aquí anteriormente. Preferiblemente dicha célula vegetal es una célula de una planta dicotiledónea o una célula de una planta monocotiledónea, más preferiblemente una célula de cualquiera de las plantas mencionadas aquí. Preferiblemente, en la célula de la planta transgénica de acuerdo con la invención, el promotor o la construcción genética de la invención está integrada en forma estable dentro del genoma de la célula vegetal.

La invención también provee un método para la producción de una planta transgénica, que comprende:

(a) La introducción en una célula vegetal de una construcción genética, o un casete de expresión, o un vector de transformación o un vector de expresión de acuerdo con la presente invención y como se describió aquí anteriormente, y

(b) El cultivo de dicha célula vegetal bajo condiciones que promuevan el crecimiento de la planta.

La "introducción" del promotor aislado anteriormente mencionado, o la construcción genética, o el casete de expresión, o el vector de transformación o el vector de expresión, en una célula huésped (por ejemplo una célula vegetal) se logra preferiblemente por medio de transformación. El término "transformación" como se utiliza aquí abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno dentro de una célula huésped independientemente del método utilizado para la transferencia. En particular para plantas, los tejidos capaces de propagación clonal, ya sea por organogénesis o por embriogénesis, son adecuados para ser transformados con una construcción genética de la presente invención y se puede regenerar a partir de los mismos una planta completa. El tejido particular escogido variará dependiendo de los sistemas de propagación clonal disponibles para, y más adecuados para, la especie particular de planta que está siendo transformada. Los ejemplos de tejidos objetivo incluyen discos de hojas, polen, embriones, cotiledones, hipocotiledones, megagametofitos, tejido de callo, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristemo apical, brotes axilares y meristemos de raíz), y tejido inducido de meristemo (por ejemplo, meristemo de cotiledón y meristemo de hipocotiledón). El polinucleótido puede ser introducido en forma transitoria o estable en una célula vegetal y puede ser mantenido en forma no integrada, por ejemplo, como un plásmido. Alternativamente, puede estar integrado dentro del genoma de la planta.

La transformación de una especie vegetal es ahora una técnica muy común. Convenientemente, se puede utilizar cualquiera de los diferentes métodos de transformación para introducir los ácidos nucleicos de la invención dentro de una célula progenitora adecuada. Los métodos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, compuestos químicos que incrementan la admisión de ADN libre, inyección del ADN directamente dentro de la planta, bombardeo con pistola de partículas, transformación utilizando virus o polen y microinyección. Los métodos pueden ser seleccionados a partir del método de polietilén glicol/calcio para protoplastos (Krens, F.A. et al., 1982, Nature 296, 72 - 74; Negruțiu I. et al., June 1987, Plant Mol. Biol. 8, 363 - 373); electroporación de protoplastos (Shillito R.D. et al., 1985 Bio/Technol 3, 1099 - 1102); microinyección dentro del material de la planta (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 para la producción de células de plantas transgénicas de acuerdo con la presente invención, es un método de transformación mediado por *Agrobacterium*.

Las plantas de arroz transgénico que contienen cualquiera de los promotores de la presente invención son preferiblemente producidos a través de transformación mediada por *Agrobacterium* utilizando cualquiera de los métodos bien conocidos para transformación de arroz, tal como aquellos descritos en cualquiera de las siguientes documentos: la solicitud de patente europea publicada EP 1198985 A1, Aldemita y Hodges (Planta, 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 estuvieran expuestas en su totalidad. En el caso de transformación del maíz, el método preferido es como se describe ya sea en Ishida et al. (Nat. Biotechnol. 1996 Jun; 14(6): 745 - 50) o Frame et al. (Plant Physiol. 2002 May; 129(1): 13 - 22), cuyas divulgaciones se incorporan aquí como referencia como si estuvieran expuestas en su totalidad.

Generalmente después de la transformación, las células de la planta o las agrupaciones celulares se seleccionan por la presencia de uno o más marcadores que son codificados por genes expresables por la planta, transferidos conjuntamente con el gen de interés (que podrían estar bajo el control de cualquiera de los promotores de la presente invención), después de lo cual se puede cultivar el material transformado bajo condiciones que promuevan el crecimiento de la planta.

Las células de la planta transformadas resultantes pueden ser luego utilizadas para regenerar una planta transformada en una forma conocida por las personas capacitadas en el arte. Por lo tanto, el método para la producción de una planta transgénica como se describió aquí anteriormente, puede incluir además la regeneración de una planta a partir de dicha célula vegetal de (a).

La presente invención provee además una planta que comprende una célula vegetal como se describió aquí anteriormente. Las plantas pueden ser capaces también de crecer, o incluso de alcanzar la madurez incluida por ejemplo la producción de fruto, formación de semilla, la maduración de la semilla y la composición de la semilla.

- Además, la progenie puede ser producida a partir de estas semillas, cuya progenie puede ser fértil. Alternativa o adicionalmente, las plantas transformadas y regeneradas pueden producir también progenie por medio de propagación no sexual tal como clonación, injertos. Las plantas transformadas generadas pueden ser propagadas por una variedad de medios, tales como propagación clonal o técnicas clásicas de fitomejoramiento. Por ejemplo, una primera generación de plantas transformadas puede ser autofecundada para producir transformantes de segunda generación homocigotos (o T2), y las plantas T2 propagadas adicionalmente a través de técnicas clásicas de fitomejoramiento.

Los organismos transformados generados pueden tomar una variedad de formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y células no transformadas; transformantes clonales (por ejemplo, todas las células transformadas para contener al casete de expresión); injertos de tejidos transformados y no transformados (por ejemplo, en plantas, un rizoma transformado injertado a un vástago no transformado).

- Después de la transferencia de ADN y el crecimiento de las células transformadas, se pueden evaluar las células de plantas putativamente transformadas o las plantas, utilizando por ejemplo análisis tipo Southern, por la presencia del gen de interés, el número de copia y/o la organización genómica. Alternativa o adicionalmente, los niveles de expresión o los patrones de expresión del ADN recientemente introducido pueden ser medidos utilizando análisis tipo Northern y/o tipo Western, siendo ambas técnicas bien conocidas por las personas ordinariamente capacitadas en el arte.

- La presente invención se extiende claramente a plantas que pueden ser obtenidas por cualquiera de los métodos de acuerdo con la presente invención, cuyas plantas incluyen cualquiera de los promotores aislados o las construcciones de la presente invención. La presente invención claramente se extiende a cualquiera de las partes de la planta y a los propágulos de dicha planta. La presente invención se extiende además para abarcar la progenie de una célula primaria transformada, tejido, órgano o planta completa que ha sido producida por cualquiera de los métodos anteriormente mencionados, siendo el único requisito que la progenie exhiba la misma(s) característica(s) genotípica(s) y/o fenotípica(s) que aquellas producidas en los padres por medio de los métodos de acuerdo con la invención. La invención se extiende también a las partes cosechables de una planta, tales como, pero sin limitarse a, semillas, hojas, frutos, flores, cultivos de tallo, tallos, rizomas, raíces, tubérculos, bulbos y fibras de algodón.

- El término "planta" o "plantas" como se utilizan aquí abarcan plantas completas, antepasados y progenie de plantas y de partes de plantas, incluidas semillas, brotes, tallos, raíces (incluidos tubérculos), y células de plantas, tejidos y órganos. El término "planta" también abarca por lo tanto cultivos en suspensión, embriones, regiones meristemáticas, tejido de callo, gametofitos, esporofitos, polen, y microesporas. Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la subfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo forraje o leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos de alimentos, árboles, o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acacia* spp., *Hacer* spp., *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon* spp., *Arachis* spp., *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula* spp., *Brassica* spp., *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra* spp., *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens*, *Chaenomeles* spp., *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronilla varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa*, *Diheteropogon amplexans*, *Dioclea* spp., *Dolichos* spp., *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehretia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrostis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperi*, *Eulalia villosa*, *Fagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana*, *Fragaria* spp., *Flemingia* spp., *Freycinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *Ginkgo biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia* spp., *Gossypium hirsutum*, *Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum* spp., *Hemarthia altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hyperthelia dissoluta*, *Indigo incamata*, *Iris* spp., *Leptarrhena pyrolifolia*, *Lespedeza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus* spp., *Macrotyloma axillare*, *Malus* spp., *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotianum* spp., *Onobrychis* spp., *Omithopus* 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 squaffosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphiolepis 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, alcachofas, espárragos, brócoli, coles de Bruselas, repollo, canola, zanahoria, coliflor, apio, col rizada, lino, col forrajera, lenteja, colza de semilla oleaginosa, quimbombó, cebolla, patata, arroz, soja, paja, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, tomate, calabaza, y té, árboles y algas entre otros. De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, la planta es una planta de cultivo tal como soja, girasol, canola, alfalfa, colza, algodón, tomate, patata, tabaco, calabaza, papaya, álamo, leguminosa, lino, lupino o sorgo. De acuerdo con otra modalidad preferida de la presente invención, la planta es una planta monocotiledónea, tal como caña de azúcar, preferiblemente además un cereal tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno o avena.

Preferiblemente el ácido nucleico operativamente enlazado de (a) es heterólogo con los ácidos de acuerdo con la presente invención.

- 10 Este método puede comprender además el cultivo de la planta transformada o de las células de la planta bajo condiciones que promuevan el crecimiento, que promuevan la regeneración y/o que promuevan la maduración.

- Además, la expresión del ácido nucleico operativamente enlazado puede ser dirigida y o regulada en células particulares, tejidos u órganos de una planta. Por lo tanto, la invención provee un método como el descrito anteriormente, en donde la expresión es expresión constitutiva o expresión específica del tejido. Para estas modalidades, se hace referencia a la sección de ejemplos en donde se describen los patrones de expresión específicos de los promotores de acuerdo con la invención y en donde se detallan diferentes tipos de expresión específicos del tejido.

La presente invención abarca además el uso de un ácido nucleico aislado como se definió aquí anteriormente para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado.

- 20 (i) La persona capacitada en el arte se dará cuenta que el suministro de la SEQ ID NO. 14, fácilmente pone a disposición las herramientas para aislar promotores relacionados, que pueden tener una identidad de secuencia sustancial con la SEQ ID NO. 14. Adicionalmente, el suministro de la secuencia SEQ ID NO. 36 (CDS correspondiente al promotor de la presente invención, ver la Tabla 1), fácilmente pone a disposición las herramientas para aislar promotores relacionados, de las cuales la CDS relacionada puede tener identidad de secuencia sustancial con la SEQ ID NO. 36. Por lo tanto la presente invención también abarca un método para aislar ácidos nucleicos, capaz de dirigir y/o de regular la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado, que comprende la selección de una base de datos de secuencia de ácido nucleico para encontrar homólogos de cualquiera de las secuencias representadas por la SEQ ID NO. 14 o la SEQ ID NO. 36. Posteriormente se utilizan estos homólogos para seleccionar una biblioteca con ADN genómico, la cual se prepara por ejemplo a partir del organismo de origen del homólogo anteriormente mencionado. El procedimiento de selección puede involucrar por ejemplo hibridación. Posteriormente, el ADN genómico que coincide con el homólogo, es analizado para identificar el sitio de iniciación de la transcripción y el sitio de iniciación de la traducción del gen correspondiente con el homólogo. Finalmente, se diseñan los iniciadores específicos para amplificación de un ácido nucleico localizado en la región secuenciar arriba (el extremo 5') de dicho sitio de iniciación de la traducción.

- 35 La presente invención se extiende a la identificación de proteínas reguladoras que están involucradas en la regulación de la actividad de los promotores de acuerdo con la presente invención. Tal identificación puede ser lograda utilizando un sistema de un híbrido de levadura. En tal sistema de un híbrido de levadura las secuencias de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO. 14 están operativamente enlazadas al activador de transcripción GAL y transformadas con un cultivo de células de levadura. Ese cultivo de células de levadura es nuevamente transformado con una biblioteca de construcciones que codifican a los factores reguladores candidatos.

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

- La Figura 1 muestra una representación esquemática general de un promotor. Los elementos reguladores son secuencias que pueden por ejemplo ser responsables por la regulación especial y/o temporal de la actividad del promotor. El promotor mínimo es la secuencia mínima necesaria y suficiente para dirigir la expresión. Incluye una caja TATA, que es necesaria para dirigir correctamente la ARN polimerasa II al sitio de iniciación de la transcripción. El elemento de iniciación de la transcripción (INR) incluye al sitio de arranque de iniciación de la transcripción. La región no traducida 5' (5'UTR) es la región que es transcrita en ARN premensajero y eventualmente en ARNm, pero no es traducida en proteína. El codón de iniciación de la traducción está representado por el codón de inicio ATG.

- La Figura 2 es un mapa del vector p4581 útil para expresión en plantas de un gen de β -glucuronidasa (GUS) bajo control de cualquiera de los promotores de acuerdo con la invención. Este vector binario incluye un casete de recombinación Gateway, adecuado para la clonación de recombinación de cualquiera de los promotores de la presente invención en frente del gen de β -glucuronidasa (GUS) de *Escherichia coli*. Este casete contiene un gen de resistencia al cloranfenicol (CamR) y al gen suicida ccdB para selección en contra de plásmidos no recombinados. Este casete de expresión de GUS incluye además la secuencia terminadora doble de T-zeína y T-rbcS-deltaGA. Este casete de expresión se localiza dentro del borde izquierdo (repetición LB, LB Ti C58) y el borde derecho

(repetición RB, RB Ti C58) del plásmido Ti de nopalina. Clonados dentro de estos bordes están también un marcador seleccionable y gene marcadores seleccionables cada uno bajo el control de un promotor constitutivo y una secuencia terminadora. Este vector también contiene un origen de replicación (pBR322) para replicación bacteriana y un marcador seleccionable bacteriano (Spe/SmeR) para selección bacteriana.

- 5 Las siguientes figuras muestran los resultados de la coloración de GUS de plantas o partes de plantas transformadas con el vector reportero p4581 que porta un promotor de acuerdo con la presente invención operativamente enlazado al gen reportero de GUS. Las plantas denominadas "plantas C" son plantas transgénicas cultivadas hasta aproximadamente 5 cm; Las plantas denominadas "plantas B" cultivadas hasta aproximadamente 10 cm; y las plantas denominadas "plantas A" cultivadas hasta la madurez. Estas plantas A fueron utilizadas para recolectar diferentes muestras de tejido de hojas viejas, hojas jóvenes y semillas.

La Figura 3 muestra el patrón de expresión de PRO0110 (RCc3, SEQ ID NO 1). La coloración de GUS es visible en raíces.

La Figura 4 muestra el patrón de expresión de PRO0005 (beta-amilasa putativa, SEQ ID NO 2). La coloración de GUS es visible en semillas, más específicamente en el embrión o en el escutelo del embrión.

- 15 La Figura 5 muestra el patrón de expresión de PRO0009 (celulosa sintetasa putativa, SEQ ID NO 3). La coloración de GUS es visible en raíces.

La Figura 6 muestra el patrón de expresión de PRO0058 (inhibidor de proteinasa Rgpi9, SEQ ID NO 4). La coloración de GUS es visible en las semillas.

- 20 La Figura 7 muestra el patrón de expresión de PRO0061 (beta expansina EXPB9, SEQ ID NO 5). La coloración de GUS es visible en flores jóvenes de plantas A (A) y en otros tejidos jóvenes de expansión de plantas B (B) y plantas C (C).

La Figura 8 muestra el patrón de expresión de PRO0063 (proteína estructural putativa, SEQ ID NO 6). La coloración de GUS es visible en tejidos jóvenes, por ejemplo en los callos (A) o en hojas viejas, hojas jóvenes y semillas de "plantas A" (B).

- 25 La Figura 9 muestra el patrón de expresión de PRO0081 (cafeoil-CoA 3-O-metiltransferasa putativa, SEQ ID NO 7). La coloración de GUS es visible en tejidos jóvenes, particularmente del brote.

La Figura 10 muestra el patrón de expresión de PRO0091 (prolamina RP5, SEQ ID NO 8). La coloración de GUS es visible en semillas (A), particularmente en el endospermo, y en meristemo (B).

- 30 La Figura 11 muestra el patrón de expresión de PRO0095 (amino peptidasa putativa, SEQ ID NO 9). La coloración de GUS es visible en semillas, más particularmente en el embrión.

La Figura 12 muestra el patrón de expresión de PRO0111 (proteína tipo uclacianina 3, SEQ ID NO 10). La coloración de GUS es visible en raíces y en meristemo.

- 35 La Figura 13 muestra el patrón de expresión de PRO0116 (subunidad 11 que no es ATPasa de la partícula reguladora del proteosoma 26S, SEQ ID NO 11). La coloración de GUS es débilmente visible en la planta completa (constitutiva débil) y es particularmente visible en meristemo.

La Figura 14 muestra el patrón de expresión de PRO0117 (proteína ribosomal 40S putativa, SEQ ID NO 12). La coloración de GUS es visible en las semillas, más particularmente en el endospermo.

La Figura 15 muestra el patrón de expresión de PRO0122 (precursor de la proteína de enlazamiento clorofila a/b (Cab27), SEQ ID NO 13). La coloración de GUS es visible en el brote.

- 40 La Figura 16 muestra el patrón de expresión de PRO0123 (protoclorofilido reductasa putativa, SEQ ID NO 14). La coloración de GUS es visible en el brote (tejidos por encima del suelo).

La Figura 17 muestra el patrón de expresión de PRO0133 (quitinasa Cht-3, SEQ ID NO 15). La coloración de GUS es visible en las raíces y el meristemo.

- 45 La Figura 18 muestra el patrón de expresión de PRO0151 (WSI18, SEQ ID NO 16). La coloración de GUS es visible en los callos y las partes superiores de la planta (A) así como en la capa de aleurona y el embrión (B).

La Figura 19 muestra el patrón de expresión de PRO0169 (acuaporina, SEQ ID NO 17). La coloración de GUS es visible en la planta completa (expresión constitutiva).

La Figura 20 muestra el patrón de expresión de PRO0170 (proteína del grupo de alta movilidad, SEQ ID NO 18). La coloración de GUS es fuertemente visible en la planta completa como se ilustra por medio de las "plantas B" (A), y diferentes tejidos tales como hojas viejas, hojas jóvenes y semillas (B) y callos (C) (expresión constitutiva).

La Figura 21 muestra el patrón de expresión de PRO0171 (proteína glicosilada en forma reversible RGP1, SEQ ID NO 19). La coloración de GUS es visible en todas las partes de la planta (expresión constitutiva).

La Figura 22 muestra el patrón de expresión de PRO0173 (MDH citosólico, SEQ ID NO 20). La coloración de GUS es visible en todas las partes de la planta y particularmente en el brote (tejidos por encima del suelo) y semillas.

La Figura 23 muestra el patrón de expresión de PRO0175 (RAB21, SEQ ID NO 21). La coloración de GUS es débilmente visible en callos (A), meristemos y hojas jóvenes, y es fuertemente visible en semillas en desarrollo y maduración (B) más particularmente en el embrión.

La Figura 24 muestra el patrón de expresión de PRO0177 (Cdc2-1, SEQ ID NO 22). La coloración de GUS es débilmente visible en meristemo y en láminas de hojas.

Ejemplos

Los promotores de acuerdo con la presente invención fueron aislados como regiones de ADN que abarcan aproximadamente 1,2 kb de la secuencia, secuencia arriba del codón de iniciación de la traducción (es decir el primer ATG, cuyo codón fue excluido) de diferentes genes de arroz. Para la determinación de su secuencia de ácido nucleico y su patrón de expresión, se siguió el siguiente procedimiento: Primero se realizaron estudios *in silico* sobre secuencias genómicas de arroz. Sin embargo, los procedimientos basados en programas de predicción automatizados para localizar una secuencia de ácido nucleico como la del promotor son altamente propensos a error, incluso para la localización de los elementos de control del promotor mejor caracterizados tales como la caja TATA y el elemento de iniciación de la transcripción (INR). También, la determinación *in silico* del patrón de expresión es extremadamente especulativa. Por lo tanto, para obtener datos no ambiguos acerca de la secuencia de ácido nucleico y el patrón de expresión de los promotores, se llevaron a cabo estudios *in vivo* que abarcan (i) el aislamiento de la secuencia de ácido nucleico del promotor; (ii) enlazar operativamente un gen reportero gene con el promotor e introducir la construcción genética resultante en organismos huésped; (iii) cultivar las células huésped transformadas bajo condiciones que permitan la expresión del gen reportero, y (iv) la determinación de la actividad del gen reportero en los diferentes tejidos del organismo huésped. Se describirán ahora estos métodos en forma más detallada.

Ejemplo 1. Identificación y aislamiento de los promotores

Identificación de las EST de arroz, los genes correspondientes y su localización en el genoma del arroz

Bases de datos de secuencia, que incluyen secuencias de arroz, fueron buscadas por las etiquetas de secuencia expresadas de arroz (EST). Posteriormente se realizó una transferencia tipo Northern "*in silico*" para permitir la identificación de familias de EST que son fuertemente expresadas o que son específicas para un órgano particular. Este análisis incluyó normalización de los números de EST aisladas de diferentes órganos de la planta. Las familias de EST con una distribución interesante entre bibliotecas fuente de ADNc fueron seleccionadas para análisis adicionales y búsquedas de homología de secuencia. Después de las búsquedas de homología de secuencia en combinación con la exploración de datos científicos, los genes que corresponden a esas familias de las EST fueron identificados a partir de las bases de datos de secuencia y se dio una función (putativa) y el nombre del gen correspondiente (ver la Tabla 1). Posteriormente, se aisló la región promotora correspondiente por medio del siguiente procedimiento. En una primera etapa se buscó en la base de datos del TIGR para encontrar un cóntigo tentativo correspondiente a una familia de EST. Se encontró homología de secuencia utilizando programas estándar de ordenador, tales como Blast N usando parámetros estándar (típicamente G El costo para abrir una brecha = 5, E El costo para extender una brecha = 2, q La penalización por una falta de correspondencia en la porción desecha del proceso = -3, r Recompensa por una coincidencia en la porción desecha del proceso = 1, e Valor de la expectativa = 10.0, W Tamaño de palabra = 11, v Número de descripciones en una línea = 100, b Número de alineaciones para mostrar = 100, Matriz = BLOSUM62). La base de datos del TIGR (The Institute for Genomic Research), proporciona Cóntigos Tentativos (TC por sus siglas en inglés) que son predicciones de secuencia con base en la construcción de cóntigos de todas las EST conocidas, de todos los ADNc conocidos y del ARNm reconstruido. Los TC utilizados para la identificación de los promotores de la presente invención están representados en la Tabla 1. En una segunda etapa estos TC fueron utilizados para localizar al gen correspondiente sobre una secuencia genómica, cuyo gen incluye la región de codificación así como la región promotora. Generalmente, estas secuencias genómicas eran

clones BAC, que se representan aquí por su número de acceso del Genbank (ver la Tabla 1). A partir de estos clones BAC se podría determinar la identidad de la secuencia de la región promotora.

5 Tabla 1: lista de promotores de arroz de la presente invención. Las secuencias del promotor están representadas aquí por su SEQ ID NO y el número del promotor (PRO). Las secuencias de codificación (CDS) dirigidas en forma natural por un promotor de la presente invención están representadas por su nombre, por la SEQ ID NO y por el número de acceso del Cónfigo Tentativo (TC) de la base de datos del TIGR. Las secuencias genómicas (clones BAC o genes) que incluyen una región promotora de la presente invención están representadas por su número de acceso del Genbank.

SEQ ID NO del Promotor	Número del promotor	Nombre de la CDS	SEQ ID NO de la CDS	TC de la CDS	Clon BAC (*o gen)
14	PRO0123	protoclorofilido reductasa putativa	36	TC89839	AL606456

Identificación y aislamiento de las regiones promotoras de genes del arroz

Partiendo de la información de la secuencia de los genes y su localización en el genoma del arroz, se aislaron las regiones promotoras de estos genes fueron aisladas como la región de ADN que abarca aproximadamente 1.2 kb secuencia arriba del codón de iniciación de la traducción (es decir el primer ATG), cuyo codón fue excluido. Cuando estaba presente una secuencia interviniente tal como un intrón, en la región no traducida 5' del gen, se tomó la región aislada de ADN como la región que abarca aproximadamente 1.2 kb más la longitud de esa secuencia interviniente. Las regiones promotoras fueron aisladas del ADN genómico de *Oryza sativa Japonica* o excepcionalmente de *Oryza sativa Indica* a través de PCR utilizando iniciadores específicos. Estos iniciadores específicos incluyen sitios de recombinación AttB, adecuados para clonación de recombinación de la región promotora aislada. Estos iniciadores específicos son representados aquí como las SEQ ID NO 58 y 80 y están enlistados en la Tabla 2. Las condiciones para PCR eran las siguientes: 1 ciclo de 2 min a 94°C, 35 ciclos de 1 min a 94°C, 1 min a 58°C y 2 min a 68°C, y 1 ciclo de 5 min a 68°C. La longitud del fragmento esperado de PCR está también indicada en la Tabla 2. El correspondiente fragmento de PCR fue purificado de la mezcla de reacción PCR a través de electroforesis en gel y posterior purificación utilizando el Zymoclean Gel DNA Recovery Kit (Zymo Research, Orange, California).

Tabla 2: Resumen de los iniciadores utilizados para aislar los promotores del arroz de la presente invención y la longitud de las regiones promotoras del arroz

SEQ ID NO del promotor	Número del promotor	Longitud del promotor	SEQ ID NO del iniciador hacia adelante	Iniciador hacia adelante	SEQ ID NO del iniciador hacia atrás	Iniciador hacia atrás
14	PRO0123	123	58	prm3782	80	prm2197

Ejemplo 2. Clonación de vectores reporteros promotor-GUS para transformación de la planta

Los fragmentos purificados de la PCR del Ejemplo 1, correspondientes a las regiones promotoras de la presente invención, fueron clonadas dentro del plásmido de entrada pDONR201 del sistema Gateway™ (Life Technologies) utilizando la "reacción de recombinación BP". La identidad y la composición de los pares de bases del inserto clonado fueron confirmadas por medio de secuenciación y adicionalmente, se analizó el plásmido resultante a través de digestiones de restricción.

Con el propósito de clonar cada uno de los promotores de la presente invención en frente de un gen reportero, se utilizó posteriormente cada clon de entrada del Ejemplo 1 en una “reacción de recombinación del LR” (Gateway TM) con el vector de destinación p4581. Este vector de destinación fue diseñado para enlazar operativamente cada promotor de la presente invención al gen de beta-glucuronidasa (GUS) de *Escherichia coli* a través de la sustitución del casete de recombinación Gateway en frente del gen de GUS. Además, este vector de destinación es adecuado para la transformación de plantas e incluye dentro de los bordes derecho e izquierdo del T-ADN al casete promotor-GUS resultante y al marcador seleccionable y a los casetes cribables del marcador (ver la Figura 2). Los vectores reporteros resultantes, que incluyen un promotor de la presente invención operativamente enlazado a GUS, son posteriormente transformados en la cepa LBA4044 de *Agrobacterium* y posteriormente en plantas de arroz utilizando técnicas estándar de transformación.

Ejemplo 3. Patrones de expresión del casete reportero promotor-GUS en el Crecimiento de plantas y la cosecha de plantas transgénicas o partes de plantas en diferentes etapas (plantas C, plantas B y plantas A)

Para cada construcción reportera promotor-GUS, se generaron 3 plantas de arroz transgénico T0 a partir de células transformadas. El crecimiento de la planta se realizó bajo condiciones normales. Se sacrificó la primera planta transgénica para coloración con GUS cuando había alcanzado un tamaño de aproximadamente 5 cm, la cual es llamada aquí “planta C”. Se sacrificó la segunda planta transgénica para coloración con GUS cuando había alcanzado un tamaño de aproximadamente 10 cm, la cual es llamada aquí “planta B”. La tercera planta transgénica fue mantenida para producción de semillas y es llamada aquí “planta A”. Se llevó a cabo la coloración de GUS sobre plantas C y B completas. Sobre las plantas A, se llevó a cabo la coloración de GUS en pedazos de hoja, flores y secciones de semillas en diferentes etapas de desarrollo. A las plantas A se les permitió producir semillas, las cuales fueron utilizadas después de cosechadas para confirmación del patrón de expresión en plantas T1.

Coloración de GUS

Las plantas sacrificadas o partes de la planta fueron recubiertas con acetona al 90% enfriada con hielo e incubadas durante 30 min a 4°C. Después de 3 lavadas de 5 min con amortiguador Tris [15,76 g Trizma HCl (Sigma T3253) + 2,922 g de NaCl en 1 L de agua bidestilada, ajustado a pH 7,0 con NaOH], se recubrió el material por medio de una solución de Tris/ferricianato/X-Gluc [9,8 ml de amortiguador Tris + 0,2 ml de patrón de ferricianato (0,33 g de ferricianato de potasio (Sigma P3667) en 10 ml de amortiguador Tris)+ 0,2 ml de patrón de X-Gluc (26,1 mg de X-Gluc (Europa Bioproducts ML 113A) en 500 µl de DMSO)]. Se aplicó una infiltración al vacío durante 15 a 30 minutos. Se incubaron las plantas o las partes de la planta hasta durante 16 horas a 37°C hasta que fue visible el desarrollo de color azul. Se lavaron las muestras 3 veces durante 5 minutos con amortiguador Tris. Se extrajo la clorofila en series de etanol del 50%, 70% y 90% (cada una durante 30 minutos).

Patrones de expresión de los promotores de la presente invención

Los patrones de expresión de los promotores de arroz de la presente invención se resumen en la Tabla 3.

Tabla 3. Patrones de expresión de los promotores de arroz de la presente invención

SEQ ID NO del promotor	Número del promotor	Nombre del Promotor	Patrón de expresión

(continuación)

SEQ ID NO del promotor	Número del promotor	Nombre del Promotor	Patrón de expresión
14	PRO0123	protoclorofilido reductasa putativa	fuerte específico del brote

- 5 Los siguientes párrafos describen los patrones de expresión observados de los promotores de la presente invención con más detalle. Las observaciones se basan en la inspección visual de los tejidos coloreados con GUS como se describió anteriormente. Debe entenderse que para algunos promotores, la expresión puede ser débil y que la expresión en ciertos tejidos puede ser únicamente visible con métodos de detección muy sensibles.

PRO0123 - SEQ ID NO. 14 - protoclorofilido reductasa putativa

- 10 Se investigó 1 construcción (OS1433). Se analizaron 21 callos, 18 plantas C, 19 plantas B y 18 plantas A. Se observó una expresión fuerte en los brotes (33 - 68%) de plantas C y plantas B (63 - 79%). En las plantas B también hubo expresión ocasional en las raíces. En las plantas A, se observó nuevamente expresión fuerte en hojas jóvenes (73%), así como expresión ocasional en hojas viejas (39%). Se concluyó que este promotor es adecuado para expresión fuerte en brotes, preferiblemente en hojas.

- 15 **Ejemplo 4.** Estabilidad de los patrones de expresión de los promotores de la presente invención en generaciones posteriores

- 20 Los análisis anteriormente mencionados fueron realizados sobre plantas T0 originadas a partir de los tejidos transformados. La estabilidad de la actividad del promotor en las siguientes generaciones o plantas de la progenie de la planta original T0, las así llamadas plantas T1 y T2, fue evaluada de la siguiente manera. La planta T0 transformada con las construcciones reporteras como se mencionó en los párrafos anteriores del Ejemplo 2, creció hasta la madurez (plantas A), cuyas semillas (semillas T1) fueron cosechadas y sembradas para generar plantas de la progenie T1. Estas plantas fueron analizadas como se describió anteriormente en el Ejemplo 3 y se les permitió a las plantas T1 A alcanzar la madurez y producir las semillas T2.

- 25 El patrón de expresión de los promotores de la presente invención fue estudiado en plantas T0, semillas T1, plantas T1 y semillas T2 y en todos los tejidos (incluidas semillas y tejidos de semillas) como se describe en el Ejemplo 3. Los patrones de expresión específicos como los reportados a partir de las semillas T0 y T1 y descritos en el Ejemplo 3 fueron confirmados en la siguiente generación T1 y semillas T2. Se concluyó que el patrón de expresión de los promotores de la presente invención son heredadas en forma estable en plantas de generaciones posteriores.

Ejemplo 5. Estabilidad de los patrones de expresión de los promotores de la presente invención en otras plantas

- Los análisis anteriormente mencionados de las plantas se realizaron sobre plantas de arroz. Esta escogencia se basó en la consideración práctica de que la ingeniería genética de plantas es más rentable para plantas de cultivo. También en otras plantas de cultivo, tales como por ejemplo *Zea mays*, las construcciones reporteras que incluyen a los promotores de acuerdo con la presente invención son introducidas y se evalúan las plantas transformadas como se describió aquí anteriormente. Los patrones de expresión de los promotores de acuerdo con la presente invención se conservan entre las plantas. Por lo tanto, los promotores de acuerdo con la presente invención son también adecuados para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado en monocotiledóneas, tales como maíz.
- 10 Para muchos otros propósitos tales como investigación y horticultura, se están modificando genéticamente hierbas (pequeñas), lo que involucra el uso de promotores. Por lo tanto, las construcciones reporteras que incluye a los promotores de acuerdo con la presente invención son introducidas en otras especies de plantas tales como por ejemplo *Arabidopsis thaliana* y se evalúan las plantas transformadas como se describió aquí anteriormente. Los patrones de expresión de los promotores de acuerdo con la presente invención se conservan entre las plantas. Por lo tanto, los promotores de acuerdo con la presente invención son también adecuados para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico operativamente enlazado en otras especies de plantas tales como por ejemplo dicotiledóneas, tales como *Arabidopsis*.

LISTADO DE SECUENCIAS

- <110> CropDesign N.V.
- 20 <120> Promotores de arroz
- <130> PF58322
- <150> EP 03075331.3
- <151> 2003-02-04
- <160> 88
- 25 <170> PatentIn versión 3.1
- <210> 1
- <211> 1264
- <212> ADN
- <213> Oryza sativa
- 30 <220>
- <221> característica nueva
- <223> PR00110 - RCc3
- <400> 1

ES 2 375 923 T3

tcgacgctac	tcaagtgggtg	ggaggccacc	gcatgttcca	acgaagcgcc	aaagaaagcc	60
ttgcagactc	taatgctatt	agtcgcctag	gatatttgga	atgaaaggaa	ccgcagagtt	120
tttcagcacc	aagagcttcc	ggtggctagt	ctgatagcca	aaattaagga	ggatgccaaa	180
acatgggtct	tggcggggcg	gaaacacctt	gatagggtgc	ttacctttta	acatgttcgg	240
gccaaaggcc	ttgagacggt	aaagttttct	atttgcgctt	gcgcatgtac	aattttattc	300
ctctattcaa	tgaaattggt	ggctcactgg	ttcattaaaa	aaaaaagaat	ctagcctggt	360
cgggaagaag	aggattttgt	tcgtgagaga	gagagagaga	gagagagaga	gagagagaga	420
gaaggaggag	gaggattttc	aggcttcgca	ttgccaacc	tctgcttctg	ttggccaag	480
aagaatccca	ggcgcccatg	ggctggcagt	ttaccacgga	cctacctagc	ctaccttagc	540
tatctaagcg	ggccgaccta	gtagccacgt	gcctagtgtg	gattaaagtt	gccggggccag	600
caggaagcca	cgctgcaatg	gcatcttccc	ctgtccttcg	cgtacgtgaa	aacaaaccca	660
ggtaagctta	gaatcttctt	gcccgttgga	ctgggacacc	caccaatccc	accatgcccc	720
gatattcctc	cgggtctcgt	tcattgtgat	tcctctcttg	tgtgatcacg	gagcaagcat	780
tcttaaacgg	caaaagaaaa	tcaccaactt	gtcacgcgag	tcacgctgca	ccgcgcgaag	840
cgacgcccga	taggccaaga	tcgcgagata	aaataacaac	caatgatcat	aaggaaacaa	900
gcccgcgatg	tgtcgtgtgc	agcaatcttg	gtcatttgcg	ggatcgagtg	cttcacagct	960
aaccaaatat	tcggccgatg	atttaacaca	ttatcagcgt	agatgtacgt	acgatttggt	1020
aattaatcta	cgagccttgc	tagggcaggt	gttctgccag	ccaatccaga	tcgccctcgt	1080
atgcacgctc	acatgatggc	agggcagggg	tcacatgagc	tctaacggtc	gattaattaa	1140
tcccggggct	cgactataaa	tacctcccta	atcccatgat	caaaaccatc	tcaagcagcc	1200
taatcatctc	cagctgatca	agagctctta	attagctagc	tagtgattag	ctgcgcttgt	1260
gatac						1264

<210> 2

<211> 1215

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00005 - beta-amilasa putativa

<400> 2

10 cccgatttag tagaccacat ttggcatca aaccaaata gacctctcc cagaatttgt 60

ES 2 375 923 T3

```

aaatggcttt gtgggttcgtg atatcactga acctgctggg tgaataaagt aaaaaaaaaa 120
accataaat tggccttctg caagatctcg tcgtcttgcc caaactatag ccttcgatct 180
ttccatcagg accgcatggg gggagagcag gggcaagtat gaaatggagt tcagattcag 240
attctagaac agtctgaaca tgcgacgacg acgatggcga tgtatctgaa caatctggtc 300
ctctccctct cctcccgggc gggcttccac gcggctgagt ttcaggctcc caatctgcag 360
ctcctcccag aaccttactc tgattgattg gttcatcggt tccatggctc caatgaatgc 420
aacgtgttgt tcagattttc tgaatcttgt tctcaatccg gactacgtgc tgtagcagca 480
gcaatctgtc cctgatctga gaatttttag cactcgtaga ttcgctgac aatcattccg 540
tcccttcgag tggctctagat tgagcttaat catcctgcta ctggaatcaa atcttcagca 600
agtgaagcgt agataattca gaagaaatca acatattctt cgcgaaaaaa agaaataacc 660
gatgaaacca cggtaattag gttcttcgaa tcaccgggag agtaggaaaa aacgagctaa 720
aatcccatat aggaggaaac ggttaaaaaa ggccactccg cgtctccgcc gcgagactag 780
ctctcgccag tccacgtagc ccaatccaca accgccacgt gctccgacaa tcccgcccg 840
ccatcgccgc ggccccggcc tcatctcgac cactcgtttc ctcccttcac accagccacg 900
tggcactctc tcgagagctc ccgcccgcct atataaaactt gttcgcgctc ggctcctcct 960
cctcatcgac ctccacccca cattgaataa ttatttttaa taatttttagt tttttttttg 1020
gctttagata tattcccaat ccccaacctc ccaataatcc gatctctccc agttctgttc 1080
ggatcaaggc tgtgtcgatc gcaaaaaaga aaaaaaaaaa aatttccttt tgggggtggtt 1140
catctgttga tcacttcttt gtttcccgcg ttttgttggg gattcgattt tcgggttaag 1200
atcttctaca cgacc 1215

```

<210> 3

<211> 1038

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00009 - celulosa sintasa putativa

<400> 3

```

gccatcgagt ggtgtgccga tacggcgccc tgttctttac agcctcagct agtgttgttg 60
tccgaggcaa tttttccgac ctattgtgtt gctttcctct ctgatagctt atggtaaaag 120
atacaaagat gttgaggagt ttgtacgcca cttaattttg ctgtaacat acattgacaa 180
tcaagaggag ccatggcatt gcgatctgct tacacggcat attcttactg gatggtgtac 240
actacttacc ctttttaaat caagcatcaa tccattgctt ttctcactgc acacctgatt 300
cgtactgaaa acgtgaaaca taaaaaaaaa acaaaaatct agctgatgtt ggctctcggg 360
gcctcgagtc tagtttgtcc tagatggcta acctgatatg tgttggtcac gctcacgttt 420
gaaccgagaa agagtgtgtg tgtgtgtgtg tcggcggtgt gctacaccag agcctccctg 480
aatcgcaatg cgtgttaacg ccagcatcgc aggatttcat ctcaattgac aggttcagat 540
ggccttcctc ctaccgtctg ccatttatac acgcagtgac ttaacgctta cagagccgg 600
atggcccgga tctccccctt gcaccatctc accagaaaaa cgggtgaggcg tcaccgcaac 660
ccaccacca aacacatcca cgtcccttca cggttggcct tcgattttgc ttcagctgca 720
ctacgacccc tccaacacat ttccctcgcg tctcggttgc atctcacctt acgacgatct 780
cgttccagca gcagcagcat cggcagcggc ggcttgcttc cgaagcgagc aatgcatggc 840
gcgcgcggcc gcgtgcgtgc gtgccttggc ttgcgtctca atcaaaccgg gacgccccaa 900
ctcacggttg gtgcgggacg ccaccccgcc accttaccgc ccccgccctc ctgcatctga 960
tcatcaacca gctgctatat cacctagcta gccgcccgcct cctcctcgcc caccaacgtc 1020
gcttccccgg cacctcac 1038

```

10

<210> 4

<211> 1301

<212> ADN

<213> Oryza sativa

5 <220>

<221> característica nueva

<223> PR00058 - inhibidor RgpI9 de proteinasa

<400> 4

tctcttctga	agctgaagcc	ctgcgaaata	ggcctttaaa	cgctttaagg	ttactggatg	60
atcatatcgg	cgtaagaccg	gtttaaacat	ggtttcgctt	tgtgaatcca	atgtgagtca	120
cgacgtgaca	catggcacgt	ccttgagact	ttagacatat	cgaatctgag	cactggagtg	180
gccgagtggg	tgagcggcca	aatccgtttt	agacagatcg	cactgacacg	atgttgatca	240
ttgataactaa	taccatttta	tcaagcagta	gtgttgaaaa	aaaaacttat	gttctcttca	300
actgtgagat	ttcatcccg	ttcaagatga	acaagccatg	catgtgagat	gtgaacagaa	360
ggcagaagac	agtggaaaga	caggacaaat	aagtgaagag	ggatcaaata	aatgggctg	420
acggtttctg	aaagttgaca	tggaaatcgc	cggtgatcac	cggtttatac	gttattttaa	480
tctgcgattt	ccactttcgt	ttgctttcgg	ggttccaatt	tgagtcacgc	acataattct	540
catcgtgctt	tggatctcag	caccgtagta	acttttggac	aaattgcatt	cgccgacact	600
aataacatgt	tctttttatg	ctgctttaca	tatactgctt	atccacaccc	aatcccatgt	660
tcatatatta	tgagatggag	ggagtaaact	ttgttaacag	caacattttt	tatattaaag	720
catcaactaa	ttaaagcaca	agatacgc	gttatctcaa	taaatcttcc	agtgcattga	780
ttaaagaagat	gtcgcgcgta	acttagataa	tttttgtgac	ttttatcctg	gccggcataa	840
tttaattcttc	cggaaattaa	aagctagttt	ttccatattc	atcagtacag	acaagacagc	900
atagtaagcg	aagcatacct	gacgtgtag	ctcattgtaa	ctcgatctgg	aacactcgat	960
gctagatata	gacagacact	cctcgtgatg	aacgttagca	tttagcaaca	tacgggtgata	1020
aagcagctgg	ggatcgatcc	atccatccat	cgtctttaca	cgtaacttacc	ttgctaaccg	1080
cactgtcgac	tcttgcatgt	ttgcatgtaa	tccaaatgga	ccccacgtgg	aacatgctca	1140
cagtgtcttg	cagctgtctt	ccaaaatgct	ttcttttact	tcttccattc	ctctgtccac	1200
aaaaaaagta	gtgtgttctt	gagcctatat	aagagagggt	cacacgctcc	agtcgactca	1260
ccatcgatcc	atctgacggt	tagttccaag	ggaaagaaga	a		1301

10

<210> 5

<211> 1243

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> característica nueva

<223> PR00061 - beta-expansina EXPB9

<400> 5

ES 2 375 923 T3

```

aaaaccaccg agggacctga tctgcaccgg ttttgatagt tgaggggacc gttgtgtctg      60
gttttccgat cgagggacga aaatcggatt cgggtgtaaag ttaagggacc tcagatgaac      120
ttattccgga gcatgattgg gaagggagga cataaggccc atgtcgcgat tgtttggacg      180
gtccagatct ccagatcact cagcaggatc ggccgcgttc gcgtagcacc cgcggtttga      240
ttcggcttcc cgcaaggcgg cggccggtgg ccgtgccgcc gtagcttccg ccggaagcga      300
gcacgccgcc gccgccgacc cggctctgcg tttgcaccgc cttgcacgcg atacatcggg      360
atagatagct actactctct ccgtttcaca atgtaaatca ttctactatt ttccacattc      420
atattgatgt taatgaatat agacatatat atctatttag attcattaac atcaatatga      480
atgtaggaaa tgctagaatg acttacattg tgaattgtga aatggacgaa gtacctacga      540
tggtatgatg caggatcatg aaagaattaa tgcaagatcg tatctgccgc atgcaaaatc      600
ttactaattg cgctgcatat atgcatgaca gcctgcatgc gggcgtgtaa gcgtgttcat      660
ccattaggaa gtaaccttgt cattacttat accagtacta catactatat agtattgatt      720
tcatgagcaa atctacaaaa ctggaaagca ataaggaata cgggactgga aaagactcaa      780
cattaatcac caaatatttc gccttctcca gcagaatata tatctctcca tcttgatcac      840
tgtacacact gacagtgtac gcataaacgc agcagccagc ttaactgtcg tctcacgcgc      900
gcacactggc cttccatctc aggctagctt tctcagccac ccactgtaca tgtcaactcg      960
gcgcgcgcac aggcacaaat tacgtacaaa acgcatgacc aaatcaaaac caccggagaa     1020
gaatcgctcc cgcgcgcggc ggcggcgcgc acgtacgaat gcacgcacgc acgcccaccc     1080
ccacgacacg atcgcgcgcg acgccggcga caccggccat ccaccgcgcg cctcacctcg     1140
ccgactataa atacgtaggc atctgcttga tcttgtcatc catctcacca ccaaaaaaaaa     1200
aggaaaaaaaa aacaaaacac accaagccaa ataaaagcga caa                        1243

```

<210> 6

<211> 1019

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00063 - proteína estructural

<400> 6

```

cctagctata tgcagagggt gacagggttgt ctcttagatc gattaataat atcacattga      60
tgcaattaat tatctgagat caataaagtt tttctttatg ttaaattaat atcagtaata      120
gatgctaagt ccttcattag tagtatccca catttaatca cagttggaca caaaaaaaaa      180
aaggcaatgc cattaatatg ccactctctt tgttttccat tgcctaccaa gtgccatatg      240
atatcatcat caggcacacc aatccataac tagttcatta gagcaagttt aataatagag      300
ctaactataa gcttataatt tatattggag taaacatgta tagtaaatga gctataaggt      360
tatttctttt tttctcctcc tctctctatc tcttacctat atatttaatg tatttgtctt      420
gaagtatgtg aatagctagc tcttgtagta gagccaatcc tctgcatttt ttaaattctc      480
tttctctccac ataagcatat agttggctta tagcctgcta ttataacttg tcttagtaca      540
ctaaccccc ttacatgcaa tgcaagctgt ctaattaaaa gggtttcaca acattttgaa      600
tgccactact agctcccaac cacaaccaca gatctagcta gggtttggtt atttctctcc      660
tctctcctcc tcctcctttc cgttgtgcc aatcatcaa agtcattgag agccatacta      720
ctccatatca tattactcct acatgtgtac tacatttata ttgatgatct gtaagagcaa      780
aagtattaat ggggatcaca ggattgcagt aacagcagca ggtaccccc cctttaacat      840
ccgcagttac gcctcccacc taccgtcttc tctgccgatc gatgacgatg agcttctcct      900
ccgctataaa tcctctcccc tcctctctcc ctctctctcc aactccacat cgatcagcag      960
cagcagcagc ttgcacactc gagcttagct tagcttttgc aagagagatc gagctagag     1019

```

10

<210> 7

<211> 1212

<212> ADN

<213> Oryza sativa

5 <220>

<221> característica nueva

<223> PR00081 - cafeoil-CoA 3-0-metiltransferasa putativa

<400> 7

atggtgccat	gtcaataaga	catcataata	gaaactacac	tcacacaacc	atagttttctt	60
aaagtgggtc	attaataaat	acatcatcta	tcttttctat	caatcatatt	tattcttttat	120
ctattatgac	ggcactat	tctcccaatg	taaaacttga	taatgtctag	tgcataagggt	180
ctcgtgttga	agctgtttct	tacatgagac	ccagtttctt	cttctctcca	ctctctctta	240
attaatataa	tgtcacataa	gttaaaagtt	ctagtaaata	ataatatagt	taatgacata	300
gacaacatcc	tagatgtagg	gttaggagtc	ttcggacagt	agcaaccctg	ttttgactcc	360
ttttttggct	gcccattccac	agtcgccacc	agaaaattca	ctgtgcccac	atcaatggaa	420
gcgcctacta	gatccatcca	tcttcgtgac	agctccgagc	tttctcctgg	ttattttttct	480
cccaaaaata	cattcagaac	acgatctcaa	atttaacta	atggagtgtc	actgcatttc	540
ttaattataa	gtcgcagcac	cactcattaa	tcattttccat	cacaggtaaa	tcgtgggtgag	600
ctgggtggtg	ctactgtact	actagtacta	cctgtcgcag	ctttgtagaa	gccgtttttcg	660
ctgaagcttc	ttcttcttcc	ctgggcacaaa	taatttttaag	caggcggaat	aatattggga	720
taaacagggt	ggacaaaagc	gtgcgatccc	tttctttaac	caaaccacga	cgaaagcagg	780
ttaggtcgcg	gcaggtgggtg	gtggtaggaa	gaagaagaaa	gagaggggaa	aaaaaacaaa	840
aattttcacat	gcatcatgca	tgaagtagta	catgtagtac	tgagtactgt	aataatgttc	900
agtttactgg	accgtctcaa	cggaagacc	aaattaacgc	ttataaaaata	cccttttttt	960
gggcactgat	catggccact	acgtttgggtg	gctcaacaac	caggtcaccg	tgcgatcgat	1020
cgattgctaa	tttatttttt	gaaaaggaag	ggaggaaaaa	agaccgggtg	tttgggtggcg	1080
ccaccaacc	tgctctcgtg	agccgataaa	tattgctcgc	cggagctctc	ggttgacgac	1140
ccaaccaatc	gactcgcacc	accaccagca	gctcaagcag	caacagctca	aacggaggaa	1200
gatctcatcg	cc					1212

10 <210> 8

<211> 1052

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

15 <221> característica nueva

<223> PR00091 - prolamina RP5

<400> 8

ES 2 375 923 T3

gtttttctat	gaaccgggtca	ttaaaccgtc	cccggttaga	ccgaacaagc	cacaataatc	60
ttgaaatggg	ccttgatgtg	gcccatttgg	tctgcctaga	gcgttttggt	tggcaaaaat	120
caatctccta	ttctcggcac	gtgtgatata	caatggtaag	tgagatatac	aattctcggc	180
acggctacat	tacaagggtg	cgcatgtgtg	caatgtttgg	ttaatttgct	agattcacat	240
aatacatgcc	aggaagttca	gaacaatgtg	ttgcctttca	ccggaaaact	ttgttgaggc	300
aaatgccttc	ttcttttttg	cttctgcttc	ttgagtccat	gtggagggaag	cagtagatag	360
ctgatgatat	caggattcct	tctgtgtctg	tgtagggtga	gcaacaccac	tataattttt	420
atthagcaac	acaatatcaa	tttgggtctat	aaaagtatga	attaaatcaa	tccccaacca	480
caattagagt	aagttgggtg	gttattgtaa	agctctgcaa	agttaattta	aaagttattg	540
cattaactta	tttcgtatca	caaacaagtt	ttcacaagag	tattaatgga	acaatgaaaa	600
ccattgaaca	tactataatt	ttttttctta	ctgaaattat	ataattcaaa	gagcataaac	660
ccacacagtc	gtaaagttcc	acgtgtagtg	cattatcaaa	ataatagctt	acaaaacata	720
acaaacttag	tttcaaaagt	tgcaatcctt	atcacattga	cacataaagt	gagcgatgag	780
tcatgtcatt	atTTTTTTTg	tcaccatcat	gtatatatga	tgggcataaa	agttactttg	840
atgatgatat	caaagaacat	tttttaggtgc	acctaacaga	atatccaaat	aatatgactc	900
acttagatcc	taatatagca	tcaagcaaaa	ctaacactct	aaagcaaccg	atagggaaac	960
atctataaat	agacaagcat	aatgaaaacc	ctcctcatcc	ttcacacaat	tcaaacatta	1020
tagttgaagc	atagtagtag	aatcctacaa	aa			1052

<210> 9

<211> 1216

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00095 - metionina aminopeptidasa putativa

<400> 9

cctgatggat	gatgaatcac	tgatcgattt	ctagttctta	ttctctgaag	atgaaccgaa	60
gatccaagat	tgggtccatga	aattatcctt	tcttgatttg	gccctccgag	aatagattcc	120
tgtgcaatct	agtcagtagt	tgttcaggtc	atgtaaactg	acggtaagaa	atttatgtgc	180
agagggtttt	ccagttttatc	ctatgcattt	gacctctggt	catgtattga	ttctgagaca	240
aagtgtagtg	atcgcttgat	gatactagta	cacattgctg	ccttcttttt	tgtcctgtaa	300
aagattttatt	attggcagca	atggatggta	gagagggcaa	tctgcttctt	agttttgagt	360
ataaagtttt	aagttttgag	cagagtttctg	aaaatttgca	gtagaaagt	tgaaatttca	420
aattggaagt	acagtttttc	aaatttccag	tataaatttt	taaaccact	gagaaaccaa	480
gagcatatgg	gcgatcaaaa	atttcttttc	taaaggaaaa	atatttttta	aaaaacactt	540
agtagtatat	caaaattctg	aggtaagctc	attaggccca	ttcactgtac	ggcccatgaa	600
gcccagtcctg	gtgagatggg	cctacccgtg	caggcagaga	tggatggg	tttaattgta	660
ggcccatggt	ggaaagccca	ccaaagccca	ataatatatc	ctcctcacct	tcaaccctaa	720
tcctcctctt	cttctagaag	actgaaaatt	cctctccttt	cttctctcgc	cctcaccgct	780
cgccgaggtt	gccgtctcct	tgtctcctcc	gctccttgcg	ccgccgcgcg	gacgagtcgc	840
ggggaggggg	ggcgatctcc	atctccatct	gaggcgagga	gagcagggga	ggtgagggga	900
tcctgggtgag	gtgagcatcc	acgtcctctt	tctttttttc	tgattcatct	ctctctctct	960
cgcacatcgg	gactggaatt	tgtttgcgtt	cgttcgttaa	gttaacccta	gcttctcttc	1020
tagatctgga	agaaactctt	cttcttttaa	tttcagagcc	ttaaccttaa	tagtacaagt	1080
aacagtttgt	ttgttccccg	aaaagtttgg	atgccttcca	aatagagaca	catgttattt	1140
attttggaat	gtaatttgtc	cctggattta	ttcattcagg	tttgtgatta	ctggacaata	1200
gaaatattta	cacaat					1216

<210> 10

<211> 1237

<212> ADN

<213> Oryza sativa

5 <220>

<221> característica nueva

<223> PR00111 - proteína como la uclacianina 3

<400> 10

tcgttaagtt	tgatgatttc	tgatgaccca	tggtcaccta	gcggctagca	gtaccatgca	60
tgatcaccct	ccacaaagaa	atggtacagt	acatctccgt	cccaaaataa	gtgcagccat	120
gtatatccat	gcctaacggt	tgaccgtccg	tcttatTTaa	aaaaattatg	aaaaatttaa	180
aaatatttag	tcacacataa	agtattattc	atgtttttatc	atctaataagc	aacaaaaaat	240
actaatcata	aaattttttt	taataagata	aacgggttaa	cgttgaacgt	gaatagtgc	300
aaacttattt	tagaacggag	ggagtagcaa	gtaactccgg	aactacatat	agggcaatta	360
ttgccctatg	tatgcatata	gtcaatcaat	taactgctga	caatggaaaa	gctaataaat	420
caatcaatgg	tttgattaat	caaattaagc	cagggtcagtc	cgtcagtgta	cattcactaa	480
ttaaattaac	aggtttgttc	aacgggtcaa	ccaacatctg	ccatcaacat	cttttcggtg	540
cacctttctt	gactctttat	gctatTTTgc	taaaaaaaaa	cttctcttta	catcacttat	600
aacaatatat	atttctgctt	taatttgtaa	tctttttttt	ctgcggttga	acggaaatca	660
cgagcgatat	atggtgaaga	ctgatgataa	tcgtatttct	gatgacccat	gattccgcgg	720
tgtaccatct	gttctgtcaa	ctaaaaagtg	gagtagttcc	ttgacggaag	aaggagagcaa	780
aatagaagat	attctcagtt	gatctgcagt	tgttggttagg	tcactatatt	cagaaatcgc	840
agttgctggt	gtttaaattg	tgtgtgacag	cagacagcta	attatcagta	cacgtatatg	900
agcaactacta	gtgaatctgt	actaatTTaa	cgagagtatt	ttctatatatac	aaatacaaca	960
gcaaaaactgt	gccactggcg	ccgaatacgt	acggacagag	ctcaggcaat	caggggagca	1020
gcaaaaagagg	agagagttgg	tgccaagcac	aactaaaccc	aactgcaccc	aaaaactaat	1080
cagcatttca	gttcgcttta	gttagtacta	ccacctgcat	ctctttacca	acactatata	1140
accgcgagtg	gacctgcagt	catctcacta	attcagtgaa	gccaccagta	ctagtacggc	1200
tctaatacagt	tcgcgtttgc	taattaactc	tgccatc			1237

10 <210> 11

<211> 1100

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

15 <221> característica nueva

<223> PR00116 - subunidad 11 que no es ATPasa de la partícula reguladora del proteosoma 26S

<400> 11

ES 2 375 923 T3

```

ctaagggcag cagccattgg gctctatagg tgtggttgca agtgcactta caagcgagca    60
acctggtaga atatccccga gatcagtagt taccgtgatt ggttcagact tgagaggcta    120
atTTTTtctgt acctgtagct ttattacatc gcatttcctc ttattgaagt ttagccgagg    180
tggtgcggat ggatattcag tctaacagac tcaatgaacg ctttggttga tgacttgtag    240
agtactggct gctcgaacag gatgggttcag cttccagaaa tttggcaacg ctccatttca    300
aagaaaatca ttcagtattt gccttcttgt tgttacattg atctcatata aagtcacttt    360
gatcgttgac atcttgTTTT ttggttcggt tgccatggta gtttcccttg ctgctgggag    420
gattgccgcc tgaactTTTT cttttttgcg aggatgttat ttttgccaga caagaacggg    480
aataagcaaa ttgtttgggt gaactaaagt aaactcgatc tctttccgag aagtgtatta    540
ttttcacgtg taccatcaat ttttttgaaa gttaaatttt tttcccttta actaatgttc    600
actttggacc ggataatctt acctttattt aactttgggc tatctaactc tcttctaaag    660
catataaacg atcttgagta catcgattcc tacttatcat ttaactctcg tagcttaatg    720
taagattatt tctttgaaat atgataaatt ggatgcatat gaatgaaaga gtcaaggatt    780
aagtgattcc tcaaaaaaaaa aaaagagtga aattttattt tttttccctt ttcgacacga    840
agaagggctt gggttgagga aaatggccca gattcagatg accgaggccg agtaccatgg    900
ggcccacaag aataataagc cccgagccca aacgctaagg cccacgagaa gccgtgcgct    960
ggaagaaaga aagaaaccgc ggccgtcttc acaccgaagc ggcggaacgag acgactcgca   1020

```

```

gtcgcagcct ctttccctct cctctctctt ctcccccttt cctctcctcc gcgcggcgaa    1080
cgaagcgagc gagcggcggc                                     1100

```

<210> 12

<211> 1216

5 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PRO0117 - proteína ribosomal 40S putativa

10 <400> 12

ES 2 375 923 T3

cgtgttcacg	ttcgcattta	ggattggact	tttttaggat	ggagaggata	tgtcctaacg	60
gaaatgtcat	gtctatgctc	cgatcttata	aatttggtca	atagcgttgc	aaacgcgac	120
attaaaaagg	cggtaagaga	actaccacat	tttcgaaagc	ccattctctt	cgtgagttac	180
tggaattatt	tggcatagca	catgcataaa	gatgctttag	taatgagctc	aataaaacac	240
gacagctttg	catgtagcca	caatgctata	gtaaatagag	tgtacttctt	ttgcattgca	300
aagtgggtact	gaccttggtt	aggcagctag	cttcattcat	tttttgaatt	ctatagttat	360
agttataaag	attatcataa	tttagataag	aatccggtat	gtttgagaag	ctggagtttc	420
tagagaagct	ataacaactc	gaagctccct	aaacagagcc	attgaacatt	gagctgtcca	480
gtatatcatg	acaaaatgat	acatttttgca	tgggcatatg	tgtctaagaa	aacaaacatc	540
acaattcaat	gagtcactct	aaaaaaaaag	gcaaaacact	caacaaaacc	ataccgtgaa	600
agtgaaccta	taatgaaatg	aaatttttgat	aagcatgctt	acccaggtgg	aaatttcaat	660
ctaagaacaa	tttccaaaac	caccgtccat	agaaatatgt	ggaattcatt	cagaattttc	720
ataccacacg	ataaaattta	tagggaattt	aactttttgcc	atttttaccg	aacaccacct	780
tttcattttgc	tcctataatg	ttatcgaaaa	gagagtgttt	gttaattatt	tgtcactttt	840
atcacgacat	gtagccgtga	caacgtggcg	ttcctcgtgg	agcccaaccg	tcagccgccg	900
tacgcaccac	catcaaagaa	ttcaagacgg	agagcgtcgt	cgccgtcggc	aaggcggtgt	960
gttttggttca	ctgtacgttg	cttcggcggtg	ggcccaatct	tgttcggggc	taactagtgc	1020
ttcccagccc	aggcccatta	agcctaccaa	cccgagcggc	ccgggaggag	ctaggggttc	1080
acccttcaat	atataaacct	ctctctcttc	ctccggccgc	cgctccgaa	gccctagctc	1140
ctccgcgcgc	cgccgcgcgc	gccgcgcgcg	cctctccact	cgagagaccc	agccgcgcgc	1200
gccgcgcgcg	cgccgcgcgc					1216

<210> 13

<211> 1210

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

<223> PRO0122 - precursor de la proteína de enlazamiento de clorofila a/b (Cab27)

<400> 13

cagatgccac	agtatggtgt	accaccagct	gtccacacc	atgctccacc	ggctggccaa	60
ccaatgtatt	ttccgaaata	atctatcttt	atccgatgta	caagcaatta	gagcaattgc	120
aaatgttgcc	tgcaatactc	gggtctgggt	atcttctctt	caaatttttg	gttgtaactc	180
gtctatgcag	ctattcatat	tgtaactcag	tgagctccct	gtcgcaaata	tgcctctgct	240
tcagtcgctg	tctgtaaact	gtccggcaat	tagaaattcc	catccttagc	atgcctggta	300
ttgttcagct	cgaaactgaa	atttttcttc	gtgccctata	ttttttcggt	gtagataagt	360
gttccgctgg	aattttatgc	aggtgctgta	ccctatgtgc	tgcttttttt	ttgtgtgggg	420
cgcccccccg	gggggggggg	ggggtttcc	ggcatgattg	caaataagaa	ccccggggca	480
aatctgctgg	ttggttgcaa	ataataaccc	ctccaaatct	gcgcagatga	aaccccattc	540
aggacatgaa	ttacgattgt	tcattgagct	tttggtatcat	ggaaagattg	gaaacaaaca	600
cttacgtcaa	ggtttctact	aattacgtga	ttccgatttc	agagtcagcc	atggctatac	660
tgcttttgc	ccagtaaaca	tcgtctctct	agtaacaaac	attgcagtaa	acatcacaac	720
tatccaattc	ccttggtgct	gctctagtaa	aaaacattgc	aattatccaa	ttcccagata	780
ttttctttca	ctactccaaa	acctaaagta	catatacgtg	agttgagtga	tccagcaaca	840

10

ES 2 375 923 T3

taaaaatccg	aggctccgag	cgatctgcac	caaccatctc	accggtccga	cgtggcagca	900
gcaaccagcc	acagctgaga	cctccatcca	atagaaaccc	tccctttgat	tcccccgat	960
cccggcatcc	ggataacgct	ggataagagg	cgacgcctcc	cattggccac	accacccaa	1020
caacgcatcc	tggccgtccg	atccaccccc	accgccgatc	tccgccgtcc	gtcgccgcc	1080
tcgccaccgt	ggccacctgg	cagcgccggc	cactcccga	cagtttaata	caagccacgc	1140
ctttgctccg	tgccggccaa	aacgtaccct	tgtgactaca	cccgtttcgc	ttcctcccct	1200
ctctaagccg						1210

<210> 14

<211> 1179

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00123 - protoclorofilido reductasa putativa

<400> 14

ttgcagttgt	gaccaagtaa	gctgagcatg	cccttaactt	cacctagaaa	aaagtatact	60
tggcttaact	gctagtaaga	catttcagaa	ctgagactgg	tgtacgcatt	tcatgcaagc	120
cattaccact	ttacctgaca	ttttggacag	agattagaaa	tagtttcgta	ctacctgcaa	180
gttgcaactt	gaaaagtga	atttggtcct	tgctaataata	ttggcggtga	attcttttat	240
gcgttagcgt	aaaaagtga	aatttgggtc	aagttactgg	tcagattaac	cagtaactgg	300
ttaaagtga	aagatggtct	tttagtaata	gagggagtag	tacactatcc	tcagctgatt	360
taaatcttat	tccgtcgggtg	gtgatttcgt	caatctccca	acttagtttt	tcaatatatt	420
cataggatag	agtgtgcata	tgtgtgttta	tagggatgag	tctacgcgcc	ttatgaacac	480
ctactttttg	actgtatttg	tcaatgaaaa	gaaaatctta	ccaatgctgc	gatgctgaca	540
ccaagaagag	gcatgaaaa	gtgcaacgga	tatcgtgcc	cgtcggttgc	caagtcagca	600
cagacccaat	gggcctttcc	tacgtgtctc	ggccacagcc	agtcgtttac	cgcacgttca	660
catgggcacg	aactcgcgtc	atcttccacc	gcaaaacgac	agatctgccc	tatctggtcc	720
cacccatcag	tggccacac	ctcccatgct	gcattatttg	cgactcccat	cccgtcctcc	780
acgcccacac	accgcacacg	ggtcgcgata	gccacgaccc	aatcacacaa	cgccacgtca	840
ccatatgtta	cgggcagcca	tgcgcagaag	atcccgcgac	gtcgtgtgcc	cccgtgtcgg	900
ttacgaaaaa	atatcccacc	acgtgtcgtc	ttcacaggac	aatatctcga	aggaaaaaaa	960
tcgtagcggg	aaatccgagg	cacgagctgc	gattggctgg	gaggcggtcca	gcgtggtggg	1020
gggcccaccc	ccttatecct	agcccggtgg	gctcctcgtc	cctcggtgcc	gtgtataaat	1080
accctccgga	actcactcct	gctgggtcacc	aacacgaagc	aaaaggacac	cagaaacata	1140
gtacacttga	gctcactcca	aactcaaaca	ctcacacca			1179

<210> 15

<211> 1808

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> característica nueva

<223> PRO0133 - quitinasa Cht-3

<400> 15

tttggcgcg	ggcagaagag	tggacttta	ctttctttt	aataaaatct	ccaattaata	60
tgtaattata	atatactttt	aatcaaaaaca	tgcaaagcta	gcagtattta	catcactaga	120
agtaaactct	tcttgctcat	gatgcttcag	cgggacggaa	ccctaaaata	tagatggggc	180
ggatacactc	gattaaaaca	gctaattgca	acacatatca	tataagggtt	tggaattcat	240
accaaagtct	ccgaaattcg	tctatttcga	tgaggcccaa	gacatgacct	cctgtttcgc	300
ccatagttta	tgggtgtttg	taaaatttgg	ttaaaatctg	tctatttttag	taggtcccga	360
aattcttatg	caattgaatc	ctagaaccct	atcatattta	tattgcaatt	gcacaaaaat	420
aatgtgcaat	caatatatcc	caattgcaat	acatatcaag	catgagggtg	aatacatatc	480
cagccgctag	cactgggtct	gttgagggtc	ttcttgagc	aacagctgca	atctgtttgg	540
ctaggctgtt	ggcgccaggc	actgctgtcg	tgctgcaaca	atggcacatt	cgctgagcac	600

acaaccgcg	ctatgcacag	cgcaagctcg	ctgccttga	ccgtgggtcc	agtgttgcat	660
caaggcttag	tggattgagc	gagaagacga	actgacaatg	caaagatgc	gatgctgcga	720
gtgtggactg	cggaagatga	atcgagatca	atcaattcgt	tatgcttgaa	aggctggaat	780
aactgatcag	ttggctggat	cgatggtatg	tactagataa	tatgcggtct	aggcctagac	840
caagaagcag	aagaggagtc	gggtcgggag	tgtggggcga	cgtaggctgt	agctgggccc	900
gccgccccag	gccgccta	gagtgtgtcc	gcccctggcc	tgacacgatg	ggtaattaaa	960
tagttatgca	tgtccctctt	tgtctaaaca	atatgtataa	aattgacgat	atcttgggca	1020
aaatcactgg	gcatggcaca	caggagagct	acttttagcga	catgaatcta	ggcgaaaatc	1080
tattgaacca	aaaatcgact	gtaatctcat	gaaaattttc	gtcataatta	tagcaaaaatc	1140
gttgttggat	tgattgcacg	agaaaacaga	agaagggagc	taggtgatat	tatattgttt	1200
tgttgcctac	ataaatctta	aagcaatcga	atgggtctaaa	atttacaaga	tttttaaaga	1260
ggttttcgta	ccgtatagac	cccggccggg	tcaaacttat	ttgggtcgctg	ctgggtgttt	1320
gtagcacgcc	agctccatat	atgtggattg	cagctgggtct	atgataagtt	cggctgatct	1380
gagatcaatc	tatcaatcgt	caaccctttg	cctttgttag	cgagctagcg	tgtacacatt	1440
tcaattatat	atgggtgcatg	catggcatcc	acgcctccac	ggtcaacgtg	gaaatatctc	1500
tggaacttta	ctttttctaa	ataactgaac	ggattggagg	caggagacaa	atttgaccaa	1560
cacaatatat	ccacgacggc	tagacaatac	tagtagatgc	atgcatggaa	ggatatagta	1620
gtacttgtaa	atcgtggaaa	cttttgtaat	gcgaatgcat	ttcaattcgt	tgctgaagat	1680
cgatgcacca	tgcatatcca	tctctatata	aagccatgcg	atcccaccga	ttcttgacac	1740
cacactagct	acttctactt	ctatcatacc	aaacaaacta	gcttaatttg	cattgcatca	1800
cattgccg						1808

<210> 16

5 <211> 1828

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

10 <223> PRO0151 WSI18

<400> 16

ES 2 375 923 T3

gcttgagtca	tagggagaaa	acaaatcgat	catatttgac	tcttttccct	ccatctctct	60
taccggcaaa	aaaagtagta	ctgggtttata	tgtaaagtaa	gattctttta	ttatgtgaga	120
tccggcttaa	tgcttttctt	ttgtcacata	tactgcattg	caacaattgc	catatattca	180
cttctgccat	cccattatat	agcaactcaa	gaatggattg	atatatcccc	tattactaat	240
ctagacatgt	taaggctgag	ttgggcagtc	catcttccca	accaccacc	ttcgtttttc	300
gcgcacatac	ttttcaaact	actaaatggg	gtgtttttta	aaaatatatt	caatacaaaa	360
gttgctttta	aaaattatat	tgatccattt	ttttaaaaaa	aataagcta	acttaattaa	420
tcacgtgtta	aaagaccgct	cggttttgcg	tgcaggaggg	ataggttcac	atcctgcatt	480
accgaacaca	gcctaaatct	tgttgtctag	attcgtagta	ctggatatat	taaatcatgt	540
tctaagttac	tataactga	gatgaataga	ataagtaaaa	ttagaccac	cttaagtctt	600
gatgaagtta	ctactagctg	cgtttgggag	gacttcccaa	aaaaaaaaag	attagccatt	660
agcacgtgat	taattaagta	ctagttttaa	aaacttaaaa	aataaattaa	tatgattctc	720
ttaagtaact	ctcctataga	aaactttttac	aaaattacac	cgttttaata	tttgaaaaat	780
atgtcagtaa	aaaataagag	agtagaagtt	atgaaagtta	gaaaaagaat	tgttttagta	840
gtatacagtt	ataaactatt	ccctctgttc	taaaacataa	gggattatgg	atggattcga	900
catgtaccag	taccatgaat	cgaatccaga	caagtttttt	atgcatattt	attctactat	960
aatatatcac	atctgctcta	aatatcttat	atttcgaggt	ggagactgtc	gctatgtttt	1020
tctgcccgtt	gctaagcaca	cgccaccccc	gatgcgggga	cgctctggc	cttcttgcca	1080
cgataattga	atggaacttc	cacattcaga	ttcgataggt	gaccgtcgac	tccaagtgtc	1140
ttgcacaaaa	caactccggc	ctcccggcca	ccagtcacac	gactcacggc	actaccaccc	1200
ctgactccct	gaggcggacc	tgccactggt	ctgcatgcga	agctatctaa	aattctgaag	1260
caaagaaagc	acagcacatg	ctccgggaca	cgcgccaccc	ggcggaaaag	ggctcgggtg	1320
ggcgatctca	cagccgcata	tcgcatttca	caagccgccc	atctccaccg	gcttcacgag	1380
gctcatcgcg	gcacgaccgc	gcacggaacg	cacgcggccg	acccgcgcgc	ctcgatgcgc	1440
gagcccatcc	gccgcgtcct	ccctttgcct	ttgccgctat	cctctcggtc	gtatcccgtt	1500
tctctgtctt	ttgctccccg	gcgcgcgcga	gttcggagta	ccagcgaaac	ccggacacct	1560
ggtacacctc	cgcgcggccac	aacgcgtgtc	ccccctacgt	ggcgcgcgag	cacatgcca	1620
tgcgcgacac	gtgcacctcc	tcattccaaa	tctcaagtct	caacgggtcct	ataaatgcac	1680
ggatagcctc	aagctgctcg	tcacaaggca	agaggcaaga	ggcaagagca	tccgtattaa	1740
ccagcctttt	gagacttgag	agtgtgtgtg	actcgatcca	gcgtagtttc	agttcgtgtg	1800
ttggtgagtg	attccagcca	agtttgcg				1828

<210> 17

<211> 1267

5 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00169 - acuaporina

10 <400> 17

cgctcctcctt	ttgtaacggc	tcgcaaatac	aatggggtgt	ttagattcat	gtcatttttaa	60
atcatatttat	tttttataaa	gttatcaaaa	tgtacatata	tttattttatt	tttaccaaac	120
tttactaaat	gagataatcc	aacaaatggc	attttaaagcg	ttcaaatacca	agaaatgccca	180
tcgccgttat	gcttccgtcc	gtttcacgcc	gttaaaatac	aatgttcatc	ctataacact	240
taatgggtgtg	gaatggacgg	aaccctaacg	gcgatggcat	ttttgggata	aagtcgtttg	300
tacgatggca	tttcttagaa	ctcatatttg	tcgatggcat	tttttgaatt	tggatgattg	360
tcaatgggat	tttttggatt	atctcttagt	aaatacataa	ggaatcatgc	caaaacttga	420
caatattgtc	aacttatcaa	aattttaattg	ggattatttt	ggcgataata	tgaacagccc	480
ttacattttct	gaagaattat	agctcaaata	tggctatggc	cctgttttga	ttcggagggc	540
tattttaatag	ccctccggaa	tcttgctatt	taagagtatt	aaacgtagat	tactgataaa	600
actcattcca	taacccttac	gctattctac	gagacgaatc	taacgaggta	tattaatcca	660
tgatttgcta	cagtaatcag	ccgctaatacg	tggattaata	tacatcatta	gattcgtctc	720
gtaaaatagg	ctagggatta	tgggaatcgg	tttatcggta	atctatgttt	aatacttcta	780
aatagcaaga	ttccgaagg	ctattttaata	gctcggagca	tccaaacaag	gcctatgttt	840
agatccaaac	ttccaacttt	ttctatcaca	ttaaactgtc	atacatacat	aacttttcag	900
tcacatcgta	ccaatttcaa	cccaaacttt	caacttttga	agaactaaac	acagcatatg	960
acagtgcagt	tcagctcaat	tttggttcgga	gcctaaaaaa	aagaaaagaa	aaaaagctca	1020
atttgataaa	ggctatgaat	aaactcaaaa	aagcatccaa	cctaaccacc	acactggccc	1080
accagggccc	acgctccact	cccgtgatca	tcacctcctt	ccctttccag	aaccaccttc	1140
tccttccttc	ctcctcttct	tcttcagtgt	actctgcctt	tataacaccc	tactcctctc	1200
tctcacctcc	accatctagc	tcactcacac	agtctccact	cacacgcatt	gcagaggaga	1260
ggcgaca						1267

<210> 18

<211> 1130

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00170 - proteína del grupo de alta movilidad

<400> 18

catgcggcta	atgtagatgc	tcactgcgct	agtagtaagg	tactccagta	cattatggaa	60
tatacaaagc	tgtaatactc	gtatcagcaa	gagagaggca	cacaagttgt	agcagtagca	120
caggattaga	aaaacgggac	gacaaatagt	aatggaaaaa	caaaaaaaaaa	caaggaaaca	180
catggcaata	taaatggaga	aatcacaga	ggaacagaat	ccgggcaata	cgctgcgaaa	240
gtactcgtac	gtaaaaaaaa	gaggcgcatt	catgtgtgga	cagcgtgcag	cagaagcagg	300
gatttgaaac	cactcaaata	caccactgca	aaccttcaaa	cgaggccatg	gtttgaagca	360
tagaaagcac	aggtaagaag	cacaacgccc	tcgctctcca	ccctcccacc	caatcgcgac	420
gcacctcgcg	gatcgggtgac	gtggcctcgc	cccccaaaaa	tatcccgcgg	cgtgaagctg	480
acaccccggg	cccacccacc	tgtcacgttg	gcacatgttg	gttatgggtc	ccggccgcac	540
caaaatatca	acgcggcgcg	gccccaaaatt	tccaaaatcc	cgcccaagcc	cctggcgcgt	600
gccgctcttc	caccaggtc	cctctcgtaa	tccataatgg	cgtgtgtacc	ctcggctggt	660

10

ES 2 375 923 T3

tgtacgtggg	cggttacc	tggtgtgtg	gggtgatgac	gggtgggcc	ggaggaggtc	720
cggccccgcg	cgtcatcgcg	gggcgggggtg	tagcgggtgc	gaaaaggagg	cgatcggtac	780
gaaaattcaa	attaggaggt	ggggggcg	gcccttgag	aataagcga	atcgagata	840
tgcccctgac	ttggcttggc	tcctcttctt	cttatccctt	gtcctcgcaa	ccccgcttcc	900
ttctctcctc	tcctcttctc	ttctcttctc	tggtggtgtg	gggtgtgtccc	tgtctcccct	960
ctccttccctc	ctctcctttc	ccctcctctc	ttccccctc	tcacaagaga	gagagcgcca	1020
gactctcccc	aggtgaggtg	agaccagtct	ttttgctcga	ttcgacgcgc	ctttcacgcc	1080
gcctcgcgcg	gatctgaccg	cttccctcgc	ccttctcga	ggattcagcc		1130

<210> 19

<211> 1230

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00171 - proteína RGP1 glicosilada en forma reversible

<400> 19

tagtaccatt	cttccctcgt	gagcataaat	gtattcatac	aaaatagtaa	aatgtatcct	60
cacaaagatt	gtaagtatat	ctcgcaacta	taaatatgtt	gtcatttttag	taacaattgt	120
tcataaaaata	gtaatcatgt	tctccataac	agtaaagtac	gaggcggttaa	tagtggttta	180
ggttctcatg	attgtaaagt	ttgagtcgct	tgtagcggtc	taagatatag	tagagagtat	240
atctagtttt	atcaagacaa	acattgcgta	atgcctcgga	cctaataataa	aagtaggaat	300
tttaaccttt	gagaaactgt	aaccaattga	aactgcaagc	tttaaaaaaa	catctattgg	360
aagtgatatt	atatagacaa	aataagtttc	ttactcttac	tctctcagtt	tcaagttata	420
aaatgttttg	gcttttggtca	aatcaaact	tcttcaagtt	taatcaagtt	tatagaaaaa	480
atagtaatat	ccaagataaa	tttattataa	aatataattt	aattattatt	ttaataaaaac	540
taatttggtg	atgtaaatat	tactataattt	gtctataaac	ttagtcaa	ttaaaacagt	600
tttaactttga	ccaaagtcaa	aacatcttat	aacctgaaat	ggatggagta	tttgtttggt	660
tctatttttag	gaaacggccg	tttctttcca	ttgattttga	gataagcaga	gctttaaacc	720
actgccacta	ttgtgcattt	catttgattt	aacactttta	ccccttatct	ccaataaaaa	780
cgatattaag	atacccttat	cttttatcca	ccgcttgga	caaaccacaaa	aaaataaaaa	840
ttcaaacctt	ctacactggt	acacacgttc	tctctttcca	tgcaccgaca	ggctctctccc	900
agatccaacc	caaaataaat	ttggacgcat	cccaaaattc	ggcaaacata	tgacgcaa	960
caaaacaaaa	taggcacaaa	ataatataat	actcctatct	aattaattat	acacaatttt	1020
ttttaaaaaa	aaagcaaggc	aagcgaagca	aagcaaagaa	ggaaacgaat	aacaaagtcg	1080
tcgtcctccc	ggagctcccg	ctctataaat	cgctcctcct	ccccaccac	ccaaaccac	1140
acacacctca	cacctacca	ccatcacctc	ctcctcctcc	tcctcttctc	ccgcgcgcgc	1200
gagatccagg	gagagggaga	gggagagatc				1230

10

<210> 20

<211> 1234

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

15

<220>

<221> característica nueva

ES 2 375 923 T3

<223> PR00173 - MDH citosólico

<400> 20

gttttggttg	tgaccgcaat	ttgctataacc	aaaatccttag	acacagttga	attaagctac	60
actttattag	cacattggcc	cgtgcgttat	attgtcattt	tctagccaaa	gtttgccata	120
attgtggcta	acaaattggt	ggccacattt	tggctacgtt	cgataggaca	tgttcccaac	180
ttctccttct	cgtttttcgc	gcgtacgctt	tttcaaactg	ttaaacggtg	tgttttttgc	240
aaaatatttt	tttacgaaag	ttgcttaaaa	aattatatta	atctattttt	tttaaaaaaa	300
gtagctaaaa	cttaattaat	ctcacgctag	acgctgcttc	gttttacgtg	tcgggtaccc	360
aaccctcact	cccgaacaca	gcctttgtgt	ggtttactac	agttatagta	aagctagtct	420
ccatccaaac	aatccttttag	tccatataac	ttcgtatact	ccaaaattcc	actcgttcta	480
cggacatcac	taatacgaag	atcaagtggg	agatagatat	ttttaatgac	atgttatttt	540
cagtgaacac	ttgaggtcct	cacgatccac	aaacacacat	tttcgtagat	aagttctgaa	600
atactccata	cggcggttgt	cacgatgtca	tgatcgtcgt	tacccaagga	agaagaaaag	660
agtggcatct	tctccacgcc	agtgttccca	acggagcatc	ttttcttccc	ccacacggca	720
tcgacgtcac	actttctggt	gcaaacttta	ataattagtc	caaaaacaaa	aaaagaattt	780
cggccacatc	ttctcccga	acgccagggtg	ggccccacct	gcatcactga	cagcctgtcc	840
ccacaacgcg	cagtcgtgtc	cccacctgtc	aggatgtag	cgtctccggt	gcaggtttcc	900
cagatcccat	cgccgatctg	tggggccagcg	cccacggtgt	cacgcccgcg	cacacctggc	960
tccaacccac	ccaccccacg	cgtctccgtgg	cgcacagcgt	ggacccacct	agggtggggc	1020
caccgtcagt	gggagatggg	taggggagcc	cccacgtggg	agcaacgggg	gttctccggg	1080
ctccccgtcg	ccgcgaggtt	aaataacggc	caccctgttc	cccctctctc	gcaaaaactca	1140
ccaaaagag	cagcgtcgcc	tctcctctct	ccccctaacc	cctacgcttc	cagaaccttc	1200
tcgaagctcc	cgtctcccc	ccccttccgc	tcca			1234

5 <210> 21

<211> 1553

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

10 <221> característica nueva

<223> PRO0175 RAB21

<400> 21

ES 2 375 923 T3

```

gtcaccaccg tcatgtacga ggctgcttca ccactgcctc actgccacca gcgtctcccg      60
ccgcgtgcaa tacaagaaga aacatcgaac ggtcatataa ggtaagaccc actaccgatt    120
taacctatca ttcccacaat ctaatccact tatttctctt cccatgatct tatcctctca    180
tttctcctca ctacttttgc atttgtagga aacacaatga caccgtcgaa gaaagctggt    240
ggagcaccgt agccagcaat caccaaaaaca cagaggggag gaggtcggca gcggccatgc    300
ggacggcgat gagacaacgc gacgcaaaga gggaggagga cgttggcgat catgctggtg    360
ttggcggagg aggtcactgg ccatgcgaat gacagcggg cagcgcaaca caaaaagggg    420
ggaggatgcc ggcgaccacg ctagtaccat gaagcaagat gatgtgaaag ggaggaccgg    480
acgaggggtg gacctctgcc gccgacgtga agagcgtgat gtgtagaagg agatgttaga    540
ccagatgccg acgcaactta gccctgcaag tcacccgact gcatatcgct gcttgccctc    600
gtcctcatgt acacaatcag cttgcttate tctccatact tgtcgtttgt ttcccgtagg    660
cgaaatagaa gaagacagag gtgggttttg ttggagagtt ttagtggtat ttagaggcta    720
tttgtaattt tgttgacttt tattgtatta atcaataaag gtgtttcatt ctattttgac    780
tcaatgttga atccattgat ctcttggtgt tgcaactcagt atgttagaat attcattccg    840
ttgaaacaat cttgggttaag gggttggaaca tttttatctg ttcggtgaaa catccgtaat    900
attttcgttg aaacaatttt tatccgacag caccgtccaa caattttacac caattttggac    960
gtgtgataca tagcagtccc caagtgaaac tgaccaccag ttgaaaggta tacaaagtga   1020
acttattcat ctaaaagacc gcagagatgg gccgtggccg tggctgcgaa acgacagcgt   1080
tcaggcccat gagccattta ttttttaaaa aaatatttca acaaaaaaga gaacggataa   1140
aatccatcga aaaaaaaaaa ctttcctacg catcctctcc tatctccatc cacggcgagc   1200
actcatccaa accgtccatc cacgcgcaca gtacacacac atagttatcg tctctcccc   1260
cgatgagtca ccaccctgtt cttcgagaaa cgcctcgccc gacaccgtac gtgcgccacc   1320
gccgcgctg ccgcctggac acgtccggct cctctccgcg cgcgctggcc accgtccacc   1380
ggctcccgca cacgtctccc tgtctccctc caccatgccg gtggcaatcg agctcatctc   1440
ctcgctcctc ccggcttata aatggcgggc accaccttca cctgcttgca caccacagca   1500
agagctaagt gagctagcca ctgatcagaa gaacacctcg atctctgaga gtg          1553

```

<210> 22

<211> 1087

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00177 - Cdc2-1

ES 2 375 923 T3

<400> 22

cagacaccta	gaatatagac	attccccaaaa	aataatcact	atgcatcagc	atcactatac	60
atgacttggg	tctagtgatg	gaagtggata	gttccactac	ctacataaaa	accactact	120
agtttattac	ttttcacatg	atagcataaa	atttaaagaa	aaaataaaca	gaagtggaat	180
aagcgaaaaa	ccccgcttac	cgcgccatt	tacatcccta	cttggatcct	gcatgtcagt	240
aagatatcag	aattatatgt	tttagaatta	tatgtttttt	tggaagggtg	aaatcggatt	300
attagacgca	acataccaag	tggcgtatac	ttggcttcac	tctttccatc	agagcaagcg	360
taaaagatca	cgtattcacg	tcacatggag	taactgagcg	aatttttttc	atttttaaat	420
ttttgttttt	taatatttac	ataaatatta	taccggcgaa	aatatattaca	aaagtagacc	480
ctgctgccct	tctccttctc	gagaagagcg	gcaggggtgat	gtcaggggaca	gaaataaaact	540
ccaaaaatgc	atttttggct	gggcgaaaaat	tgcacttacc	cccttgctgc	cctctacaaa	600
ggttgcaagg	gacctcagtg	caaaatacgc	acaccttgcc	gtcctccact	tggacggcat	660
gggctatttc	tgtaaatatt	ttggatggta	taatatttct	gtaaatatta	aaaaataaaa	720
atttaaaaaat	gaaaaaatcc	tatctgggct	cccttctctc	atctcacacg	gcccaccaca	780
caatcccggc	ccacatattt	cctgggcccc	tttccgtgtg	aatggagacg	gcccattggc	840
gcgcacatgc	ggaaaagcgt	acacacgatt	cgaaatttga	aatctcaaaa	agcgcccggt	900
agagcgcgtc	ccctccaacg	gctatcccca	atacaaaaga	tactcgaat	cccccccaaa	960
tcgaccaaac	cctaaatcca	cgcgcattcc	acaccacca	accagcgaga	gagagatggc	1020
ggcgctccac	caccaggcgg	cggcggcgcc	ggtgacgacg	acgacggacg	ggggcgagct	1080
gcgggcg						1087

<210> 23

<211> 1272

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89946 (PRO0110)

<220>

10 <221> característica nueva

<222> (17) .. (17)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> característica nueva

15 <222> (50) .. (50)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 23

ES 2 375 923 T3

tttgacgact	gaatcgnggc	tcgcctctgc	ggcggcgcgt	ctagattagn	gtttccctg	60
tctgttgtaa	ttcggcacga	gggctgatca	agagctctta	attagctagc	tagtgattag	120
ctgcgcttgt	gatcgatcga	tctcgggtac	gtagcaatgg	cgtccaaggc	gttcgctctg	180
ttcctggccg	tgaacctcgt	cgtgctcggg	gtggcaagcg	cctgcggcgg	cagcccgtcg	240
tgcccgacgc	cgacgcgcgc	gaccccgaca	ccgtcaacgc	cgacgcgcgc	gccgtcggcg	300
ttcgggaggt	gccccgcga	cgcgctgaag	ctgggcgtgt	gcgccaacgt	gctgggcctg	360
atcaaggcca	aggtgggcgt	gcctccggcg	gagccgtgct	gcccgcgtgct	ggaggggctc	420
gtcgacctcg	aggcggcggg	gtgcctctgc	acggccatca	ggggcaacat	cctcggaatc	480
aacctcaacc	tccccatcga	cctcagcctc	atcctcaact	actgcggcaa	gaccgtcccc	540
accggcttca	agtgcctaagc	agcgtgcata	tgcaatgcct	gcatgggttg	atcctacgta	600
cgggtgattag	ttggctttga	cgactcttga	tttgatttgc	ttgctgctct	gtttatttgc	660
tactacgtta	cgtacgtact	ttgcatgcaa	cgcaacgcac	gatcgatcgt	gcatgctggc	720
tgtttgtagc	tatcacggta	ccagtttggg	ttctctctgt	actctctcct	ttgtcttctt	780
tgtagtactc	ttattcccgc	tatccgtacg	tgcgcatattg	ttgtaagggc	cgggtgctagc	840
ttgtgtgccg	gtaccaactt	ctaataaagc	tatgggtgga	acttcaaaaa	aaataaaaaa	900
aaaactggag	ggggggcccg	gggtccaattt	agactataat	gagtttaaca	ccccgctcat	960
cggccgaaga	taacaacacc	gggcttgga	aacctagact	gcccactaa	tggacggaag	1020
acagactctt	ggactgaaac	tgaacgaaac	aagaccaccc	accccatcta	accacagcca	1080
cctaccgcca	aagattccaa	taatgtgaat	cagtcggtaa	tagaacactc	ctcttgtagc	1140
attttactgc	ccgcgcacc	cctcggtagc	cacttatata	tatcggggcg	tagtaatttc	1200
ctggttcctg	cacttcctc	atcgcacctg	ctagtcgtgg	cttacatacg	tgcgtcctct	1260
tattatcgag	cg					1272

<210> 24

<211> 2425

5 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC90358 (PRO0005)

10 <220>

<221> característica nueva

<222> (1558)..(1558)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 24

```

cccacattga ataattatatt taaataatatt aagttttttt tttttggctt tagatatatt      60
cccaatcccc aacotcccaa taatccgatt tctcccagtt ctgttcggat caaggctgtg      120
tcgatcgcaa aaaagaaaaa aaaaacaatt tccttttggg gtggttcata tgttgatcac      180
ttctttgttt cccgcgtttt gttggggatt cgattttcgg gtttaagattt tctacacgat      240
ggccttgaac ttggttcaga ggcgcgcggc ggcagcgtgc ttcgcgaccg ccggtgatgc      300
gcggcgagct gcttcgggtg tgcctatgcc gtcgtcgtcg tcgtcggcca cgacgagcct      360
gaggatgaag aggcaggcgg cgtgcgagcc ggtggcgtgc cgggcgggtg ccaggcacgt      420
ggcggcggcg ggcgcgagca gcaggaggaa cggcgtgccg gtgttcgtga tgatgccgct      480
ggacacgggt agcaagtgcg ggagcgcgct gaaccggagg aaggcgggtg cggcgagcct      540
gcggcgctg aagagcgcgg gctggagggg gatcatggtg gacgtgtggt ggggcacgt      600
ggagagcgag ggccccggcc ggtacaactt cgacggctac gtggagctca tggagatggc      660
ccgcaagacc ggctcaagg tccaggccgt catgtccttc caccagtgcg gcggcaacgt      720
cggcgactcc gtcaacatcc cgtcccagag gtgggtggtg gaggagatgg agaaggacaa      780
cgacctggcc tacaccgacc aatggggacg ccgcaacttc gactacatct cctcggctg      840
cgacgcgatg ccgtcttcca agggccgcac gccgcgtcag tgctacaccg acttcatgcg      900
cgcttccggc gacctcttcg cctccttctt cggcgacacc atcgtcgaaa tccaagtgcg      960
catgggcccc ggcggcgagc ttcggtaccc gtcttaccgg gagagcaacg gcacctggag      1020
gttccccggc atcggcgctt tccaatgcaa cgacaggtag atgcgtagca gcctgaaggc      1080
ggcggcggag ggcaggggca agccggtagt ggggccacgg cgggcgcgac gacgccggcg      1140
gctacaacaa ctggccggaa gacacggtgt tcttcgcggc cgactgcggc ggggtggagca      1200
ccgagtacgg ccggttcttc ctgtcgtggt attcgcagat gctgctggag cacggcgagc      1260
gcgtgctgtc ggcgcgcagc tccgtgttcg gcgacggcgc cggcgccaag atctcggctc      1320
aggtggtggg cactcactgg cactacggca cgcggctcga cgcgcgggag ctcacggcgg      1380
ggtacta aa cagcgccgac cgcgagcggc tacctcccga tcgcgcgat gctggcgcgc      1440
cacggg ag tctcaactt cacctgcgtg gagatgcgcg accacgagca gccgcaggag      1500
ggcagtgaa tgcgcgaggg gctcgtcagg cagggtggcc cgcgcggcgc cgcggcgnga      1560
cgtcgggttc gtcggggaga acgcgtgcgc gcggtacgac ggcacggcgc acgaccaggt      1620
ggtcgggttc ggcgcgcacc ggcgcggcaa ggaccggatg gtcgccttca cctacctccg      1680
gatgggttc gacctcttcc acccggacaa ctggcgccgg ttcgtcgcct tcgtccgcgg      1740
catgtcggg tccggctcgc cgcgggaggg cgcgcgagag gccgcgcacg gcgtcgcgca      1800
ggccacgggt tcgtcgtgc acgaggccgc ggtcgcgctc cggagctagc accggtcaga      1860
cgtcatata caccgtcgc tccaggtcgg attccgatgt gggatcattc gatctccctt      1920
tttttttttt tttttttgcc attttgtaca gccttttggg gagctttgga tttgtgcttt      1980
ttgtctcggg aggaaaaccg ctctggaggt cgaagagagc gtcattttcc tcccgttgaa      2040
gatcacgaat catttacgtt agagatgatg taattaagca gggaggggag gggaacacac      2100
acacactggc actcaaaagt tgttgtcacg cttggggaat atatccattt ccagccaaaa      2160
aaaaaacgca gaaatgcgtt gtgttcttgc gctctggttc gttgctgctg tgggtcagat      2220
tcagctgggt aaaaaactac agtactactg aaactgaaac tactagagcc tagagggaga      2280

ttaagctaag ttaattgcac gagtaattac tccacggttg tgtttagggt ctacgtcggc      2340
agattttgct ttctggtaga tccctaacct tatgtttggt gggaatttta taaaggagct      2400
aagtttgcct attgatttgc aatct                                     2425

```

<210> 25

<211> 3410

5 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83635 (PRO0009)

<400> 25

ccatggacac	cgccctccgtc	accggtggcg	agcacaaggg	gaaggagaa	acgtgccggg	60
tgtgcggcga	ggaggtggcg	gcgagggagg	acgggaagcc	gttcgtggcg	tgcgccgagt	120
gcggcttccc	ggtgtgcaag	ccctgctacg	agtacgagcg	cagcgagggc	acccagtgtc	180
gccccagtg	caacacccgc	tacaagcgcc	acaaaggggtg	cccacgggtg	gaaggcgacg	240
aggacgacgg	cggcgacatg	gacgacttcg	aggaggagtt	ccagatcaag	agccccacca	300
agcagaaacc	ccccacgag	cccgtaact	tcgacgtcta	ctcgagaaac	ggcgagcagc	360
cggcacagaa	gtggcgccct	ggaggcccgg	cgctctcttc	cttcaccgga	agcgtggctg	420
ggaaggatct	ggagcaggag	agggagatgg	aggggtggcat	ggagtggaa	gacaggatcg	480
acaagtggaa	gacgaagcag	gagaagcggg	gcaagctcaa	ccgcgacgac	agcgacgacg	540
acgacgacaa	gaacgacgac	gagtacatgc	tgctcgcgga	ggcgaggcag	ccgctgtgga	600
ggaaggtgcc	gatcccgctg	agcaagatca	acccgtaccg	gatcgtgatc	gtgctccggc	660
tggtggtgct	ctgcttcttc	ctcaagttcc	ggatcacgac	gccggcgatg	gacgcggtgc	720
cgctgtggct	ggcctcgggtg	atctgcgagc	tgtggttcgc	gctgtcgtgg	atcctcgacc	780
agctgcccaa	gtggtcgccg	gtgacgaggg	agacgtacct	ggaccggctg	gccctccggt	840
acgagcgcg	cggcgagccg	tgccgcctgg	ccccgatcga	tttcttcgtc	agcacggtgg	900
acccgctcaa	ggagccgccc	atcatcaccg	ccaacaccgt	gctgtccatc	ctcgccgtcg	960
actaccccg	cgaccgcgtc	tcctgctacg	tctccgacga	cggcgcgtcc	atgctgctct	1020
tcgacacgct	ctccgagacc	gccgagttcg	ccgcgcgggtg	ggtccccttc	tgcaagaagt	1080
tcaccatcga	gccccgcgcc	cccaggttct	acttctccca	gaagatcgac	tacctcaagg	1140
tcaaggtcca	gcccaccttc	gtcaaagaac	gccgcgccat	gaagagagag	tatgaggagt	1200
tcaaggtgag	gataaacgcg	ctggtggcga	agggcgagaa	gaagccggag	gaaggggtggg	1260
tgatgcagga	cgggacgcca	tggccgggga	acaacacgag	ggaccacccg	gggatgatcc	1320
aggtgtacct	gggcagccag	ggcgcgctcg	acgtcgaggg	cagcgagctg	ccgcggctgg	1380
tgtacgtgtc	ccgcgagaa	cggcccggct	acaaccacca	caagaaggcc	ggcgccatga	1440
actccctcgt	tgcggtctcc	gccgtgctta	ccaacgcccc	cttcaccttc	aacctcgact	1500
gcgaccacta	cgtcaacaac	agcaaggccg	tcgcgagggc	catgtgcttc	ctcatggaca	1560
agcagctcgg	caagaagctg	tgctacgtcc	agttccccc	gcgcttcgac	ggcatcgacc	1620
gccacgatcg	ctacgccaac	cgcaacaccg	tcttcttcga	catcaacatg	aaggggctgg	1680
acgggataca	ggggccgggtg	tacgtgggga	cggggacggg	gttcaacagg	caggcgctgt	1740
acggatacga	ccgcgcgcgg	ccggagaaga	ggccgaagat	gacgtgcgac	tgctggccgt	1800
cgtggtgctg	ctgctgctgc	tgcttcggcg	gggggaagcg	cggcaagtcg	cacaagaaca	1860
agaagggcgg	cggcggcggc	gagggcgggc	gcctcgacga	gccgcgcggc	gggctgctcg	1920
ggttctacaa	gaagaggagc	aagaaggaca	agctcggcgg	cggcgcgggc	tcgctcgccg	1980
gaggaagaa	aggggtaccg	aagcaccagc	gcgggttcga	gctggaggag	atcgaggagg	2040
gcctcgagg	gtacgacgag	ctggagcgct	cgtecgctcat	gtcgcagaa	agcttcgaga	2100
agcggttcgg	ccagtcgccg	gtgttcacatg	cctccaccct	cgtcgaggac	ggcggcctcc	2160
cccagggcgc	cgcgcgcgac	cccgcgcgcc	tcacaaagga	ggccatccac	gtcatcagct	2220
gcggctacga	ggagaagacc	gagtggggca	aggagattgg	gtggatctac	gggtcgggtga	2280
cggaggacat	cttaacgggg	ttcaagatgc	attgccgtgg	gtggaagtcg	gtgtactgca	2340
cgcggcgag	ggcggcattc	aaggggtcgg	cgcgccatcaa	cctgtcggat	cgtctgcacc	2400
agtggtctcc	gtgggcgctc	ggctccgctg	agatcttcat	gagccgccat	tgcccgtctt	2460
ggtaccctat	ggcggcgcgc	tcaagtggct	cgagcgcttc	gcctacacca	acaccatcgt	2520
ctaccccttc	acctccattc	ccctcctcgc	ctactgcacc	atccccgcgg	tctgcctcct	2580
caccggcaag	ttcatcatcc	ccacgcttaa	caatttgggc	agcatatggg	tcatagcgct	2640
tttctgtcgt	atcatcgcga	cgggggtgct	ggagctgcgg	tggagcgggg	tgagcatcga	2700

ES 2 375 923 T3

ggactggtgg	aggaacgagc	agttctgggt	gatcggcggc	gtgtcggcgc	acctgttcgc	2760
cgtgttccaa	ggcctcctca	aggtgctcgg	cggcgtggac	accaacttca	cggtgacgtc	2820
caaagccgcc	gccgacgaag	accgacgcgt	tcggcgagct	ctaactgttc	aagtggacga	2880
cgctgctggt	gccgcccagc	acgctgatca	tcatacaacat	ggtggggatc	gtcgccggcg	2940
tgtcggacgc	cgtgaacaac	gggtacgggt	cgtggggccc	gctgttcggg	aagctcttct	3000
tctccttctg	ggtcatactc	cacctctacc	ccttcctcaa	ggggtcatg	gggaggcaga	3060
accggacgcc	cacaattgtc	gtgctctggt	ccaacctcct	cgctccatc	ttctccctcg	3120
tctgggtcag	gatcgacccc	ttcatcccca	agcccaaggg	ccccgtcctc	aagccatgcg	3180
gggtctcgtg	ctgagctgct	gctgctactt	ctctgtgtct	ctgcattttg	caagagggat	3240
gaccggatgg	atgattcttg	ttgtatggag	tattttgact	tgttcatgta	caagtttttg	3300
tgagtgggat	aaaagtgttt	tgggggtaaa	atttgtaaga	actgaggtgg	agattatact	3360
cgaatttaag	aacaattggt	tttgaatttt	cttttaagat	ttttgggagt		3410

<210> 26

<211> 602

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83117 (PRO0058)

<400> 26

cccccccctc	gaggttcgac	ccactcgtcc	gctgacgggt	agttccaagg	gaaagaagaa	60
atggaggctt	cacgcaaggt	gttctcggcc	atgcttctca	tggtgctgct	gcttgcagcc	120
actggtgaga	tgggcggggc	ggtgatgggt	gcggaggctc	ggacgtgcga	gtcgcagagc	180
caccggttca	agggcccgtg	cgcccgcgaag	gcgaactgcg	ccagcgtatg	caacacggag	240
ggcttccccg	acggctactg	ccacggcgctc	cgccgcccgt	gcatgtgcac	caagccctgc	300
ccctgatcga	tgaaccagca	gctagcgcag	cagcttgtgc	cgccacctcg	cgcatgtgtc	360
atcgtgtcga	tcgatcggat	cctagctgcc	ctatgaatga	ataaaaagtgt	gtggcttatg	420
cgtgggtttt	tcttgagaaa	ctttggcttt	tgtgggtgta	agttcgatcg	ttttgtgcat	480
ccaccatcca	tccatcctcc	cattctgctt	gttctaagg	tataactacta	cttgagaagg	540
tgatgcaatt	gtgctcaaca	gtttattaat	acttcatccg	ttttaaaatg	tttgaccccg	600
tt						602

10

<210> 27

<211> 1170

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> característica nueva

<223> TC89913 (PRO0061)

<220>

<221> característica nueva

<222> (15) .. (16)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> característica nueva

5 <222> (1162)..(1162)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 27

aattcggcac	gagannaaaa	ggaaaaaaaa	acaaaacaca	ccaagccaaa	taaaagcgac	60
aatgggatcg	ctcaccacca	acatcgtcct	cgccgctcgcc	gtggtggcag	cgctggctcg	120
cggcgggtcg	tgcggcccg	ccaaggtgcc	acccggcccg	aacatcacga	ccaactacaa	180
cgccccgtgg	ctccccgcca	gggccacctg	gtacggccag	ccctacggct	ccggctccac	240
cgacaatggt	ggcgcgtg	ggatcaagaa	cgtcaacctg	cctccctaca	acggcatgat	300
ctcctgcggc	aacgtcccaa	tcttcaagga	cggcagggga	tgcggctcat	gctacgaggt	360
gaagtgtgag	cagccggcgg	cgtgctcgaa	gcagccggtg	acggtgttca	tcacggacat	420
gaactacgag	cccatctcgg	cgtaccactt	cgacttctcc	ggcaaggcgt	tcggcgccat	480
ggcttgcccc	gggaaggaga	ccgagctccg	caaggccggc	atcatcgaca	tgcagttcag	540
gagggtgcgc	tgcaagtacc	ccggcggcca	gaaggtcacc	ttccacgtcg	agaagggctc	600
caaccccaac	tacctcgccg	tgctcgtcaa	gttcgctcgcc	gacgacgggtg	acgtcatcca	660
gatggacctc	caggaggccg	gattgccagc	gtggaggccc	atgaagctgt	cgtggggcgc	720
catctggagg	atggacaccg	ccacgccact	caaggcaccc	ttctccattc	gcgtcaccac	780
cgagtcgggc	aagagcctca	tcgccaaaga	cgtcatcccg	gtcaactgga	tgccagacgc	840
catctacgta	tcaaacgtcc	agttctattg	agatcggacg	gaaacgatcc	tcctaattta	900
tttccctatt	aatttggttca	aatgggtttcc	ttctataacc	tatatatttc	ccgttggttag	960
aaatggttcc	atttcctcct	acagcttact	ttaagatagt	tgcgcttgta	tatctgcgcc	1020
atcttgtaag	ttgtaagatg	ctgaagaaca	ctatgaattc	tgagcatctg	attctccggg	1080
aagatttact	atgataaaca	acagtttgat	ttactatgtg	tgtccccttg	tttattgtat	1140
gcatcctaa	tacttatgaa	angttttgat				1170

10 <210> 28

<211> 861

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

15 <221> característica nueva

<223> TC89985

<400> 28


```

ccacgcgtcc gccacgcgt ccgcgatcag cagcagcagc agcttgcaca ctcgagctta      60
gcttagcttt tgcaagagag atcgagctag agatggagaa gtcgagcaag atgatggcgg      120
tggcggcggg gctggtgctc gcggtggtcg gcgcggcgga ggcgaggaa atcaaggcgg      180
cggcggcggc ggcggcgagg agcaaggaca cgggtggtgca gccgacgacg ttcccgccgt      240
tcgaccgctt cgggagcgcg gtgccggcgt tcggcggcgt gcccggcagc agcatcccgg      300
ggttcagcct ccccggcagc agcggctcca ccccggcggg cctcggcggc ttcggcagca      360
tgcccatggt cggcggcctc ggcggcggct cacctggcct cggcggcggc atgcccggct      420
ccccgcgcgc cgccgacaag caggccaaga agccatgaga gacctcgccg tcgcccggcg      480
cgtcgccgct gctgcgcggg taatgtgctc tatgtagcgc acggcggttg atgcaatatg      540
gatggctata tgacgcgcgc gcgttatatc ttcatatgtg cagttagctt gcactgtgtc      600
tagctagcgt tctattatga gtagtgtctc ttctatctct tttctttaca tgcatttgga      660
ggaggattat tctatctggt tgttggttgg ttgtgtttgt ttgttttaat taggtccctt      720
cttatatttt gtgttttaat taagttcgtg atcatgtagt agtactacca ctgtttcgag      780
ctcgaggcat gaataatgct aaatgtgatc attattgtgt tattgtatgg tgatggctat      840
atatattact atctctgctt c                                     861

```

<210> 29

<211> 1252

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89891 (PRO0081)

<220>

10 <221> característica nueva

<222> (5) .. (5)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 29

```

cccangcgtc cgaaccaatc gactcgcacc accaccagca gctcaagcag caacagctca      60

```

ES 2 375 923 T3

```

aacggaggaa gatctcatcg ccatgacgac cggcaatggc gacgcaccgg tgatcaagaa 120
cgcccacagc gacatcgaca gcaccaacaa gacgctgctc aagagcgacg ccctgtacaa 180
gtatgtcctg gacacgacgg tgctgccacg ggagccggag tgcattgcgc atctgcgcct 240
catcacggac aagcaccagt ggggggttcat gcagtcgtcg gcggatgagg cgcagtgcctg 300
gggatgctgc tgaagatggc cggagcgaag aggacaatcg aggtgggtgt cttcaccggc 360
tactcgctgc tggcgacggc gctggcgctg ccggaggacg ggaaggtgtt ggcgatcgac 420
ccggacaggg agagctacga gatcgggcgg ccgttcttgg agaaggccgg ggtggcgcac 480
aaggtggact tccgcgaggg gaaggggctg gagaagctgg acgagctgct cgcgaggag 540
gcggcggcgg ggcgcgaggg ggcgttcgac ttgcggttcg tggacgcgga caagcccaac 600
tacgtcaagt accacgagca gctgctgcag ctggtgcgcg tcggcgggca catcgtgtac 660
gacaacacgc tgtgggcccg cacgggtggc ctgccgcccg acacgccgct gtcggacctg 720
gaccggaggt tctccgtcgc catcagggac ctcaactcca ggctcgccgc cgaccgcgcg 780
atcgacgtct gccagctcgc catcgccgac ggcatcacca tctgccgccc cctcgtgtga 840
ggtcgagacc gagaccttac cggccgatcc atccatcgct ctgcgctgat taattaacgt 900
gtgttgctgt actcttctac tgctacaact atactattac ttccttaatt gccgcttaaa 960
ttttcctata cgtgtttcaa tcaatgagat tattatattc ttcgagcatg agagagacgg 1020
agttgtaggg acatttgatg atgggttgta ctgtactaca tgttgataag tgcaacatct 1080
ctttccatgg ttgctactct actcaccgtg tcatgttggt tgcggtttt gatctcatct 1140
gcaagatgga ctactggggc ccaaaatgga acagactggt ccctcgatcc tgcaggagct 1200
tgcacctgtt gcaagggcct ttttaactgg ctaactaggt gggtaagtag gg 1252

```

<210> 30

<211> 671

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89670 (PRO0091)

<220>

10 <221> característica nueva

<222> (3)..(3)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> característica nueva

15 <222> (14)..(14)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 30

ES 2 375 923 T3

gcnggcttcg	gcangagttc	aaacattata	gttgaagcat	agtagtagaa	tcctacaaaa	60
atgaagatca	ttttcgtatt	tgctctcctt	gctattgttg	catgcaacgc	ttctgcacgg	120
tttgatgctc	ttagtcaaag	ttatagacaa	tatcaactac	aatcgcatct	cctgctacag	180
caacaagtgc	tcagcccatg	cagtgaagtc	gtaaggcaac	agcatagcat	agtggcaacc	240
cccttctggc	aaccagctac	gtttcaattg	ataaacaacc	aagtcattgca	gcaacagtgt	300
tgccaacagc	tcaggctggt	agcgcaacaa	tctcactacc	aggccattag	tagcgttcag	360
gcgattgtgc	agcaactaca	gctgcagcag	gtcgggtgtg	tctactttga	tcagactcaa	420
gctcaagctc	aagctttgct	ggccttaaac	ttgccatcca	tatgtggtat	ctatcctaac	480
tactacattg	ctccgaggag	cattcccacc	gttgggtggt	tctgggtactg	aattgtaata	540
gtataatggt	tcaaagtgtt	aaaataaagt	catgcatcat	catgcgtgac	agttgaaact	600
tgatgtcata	taaatctaaa	taaaatcacc	tatttaaata	gcattcatgt	atgagttcca	660
ttatcatagc	t					671

<210> 31

<211> 436

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89883 (PRO0095)

<400> 31

cctcgagggg	cgacccacgc	gtccgctctc	ctctcttctc	tcgccctcac	cgctcgccga	60
ggttgccgct	tccttgtctc	ctccgctcct	tgcgcccgcg	ccgcgacgag	tcgcggggag	120
gggcggcgat	ctccatctcc	atctgaggcg	aggagagcag	gggaggtgag	gggatcctgg	180
tgaggtttgt	gattactgga	caatagaaat	atttacacaa	tatggctggc	ggctctgctg	240
atgcagtgac	caaggagatg	gagggcgctac	tcgttggaca	aaatccaaat	gcggttagtg	300
gagaaacatg	cgagacctca	tcaaaaagaag	gcaaagttgc	agatagcaat	ggatctcatt	360
cttcaccacc	agaagatgat	gatgatgaag	cgcaagggga	tgggtccatct	caagattgga	420
ggatccagaa	gctttc					436

10

<210> 32

<211> 860

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15

<220>

<221> característica nueva

<223> TC90434 (PRO0111)

<220>

<221> característica nueva

20

<222> (1) .. (1)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> característica nueva

<222> (10) .. (10)

<223> n = cualquier nucleótido

5 <400> 32

nagggcta	aan	attaccggag	tat	tttttgca	aagggagtaa	tcaaagttcc	aatacgaaat	60
cgcggtcgta	gtagtacaat	acaaagacga	gttcacggag	cgcgtaaact	aataaggaaa	120		
aattaaacgt	cgcggagaaa	taatagccga	actggatgaa	gatgagcagc	actgcctctt	180		
gcctagccta	gcccacatcatg	gcgaggccga	cggccccgac	cagcaggccc	atcacccgaac	240		
gggcctcgct	gcccgtggcc	ccgcccgtgc	tgcccgtcga	cttcgtcgtc	gtcgtcgtcg	300		
gcgtcggtgt	cgcggtccggc	gtcgacgagg	gcgtgtccat	gccgggggtcc	gatgacggcg	360		
tggcggggt	cgcggtggac	ggcggggacg	acgacgccgt	cgggggtggg	gtggtgccgg	420		
ccgccgcgga	gaccgtgacg	gcgagcttca	tgccgccgga	gcagtggccg	ctggtgccgc	480		
agatgaagta	gcgggtgccg	ggcttgggtga	gcgcgatctt	ggtgttctgg	tcgctgtagg	540		
actggatcga	gttgctggcg	gacacgcgct	gtagtcagcc	gagctcacct	ccgccaccgt	600		
gtgcatcatg	ctgtactgga	acacgagcga	gtcaccaacg	ctgaagggtt	tgctcttcgc	660		
ccaggtatcg	tagtccacgc	cactgctcca	gccggatgtg	tcgccgacgg	tgtagtccac	720		
ggcgaaagcc	ggcgcaacgg	cggcgaggag	tagcaccacc	agacctgcag	ctgcaagtcc	780		
atgtactcca	gccatgatgg	cagagttaat	tagcaaacgc	gaactgatta	gagccgtact	840		
agtactggtg	gccctcgtgc					860		

<210> 33

<211> 1167

<212> ADN

10 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83072 (PRO0116)

<400> 33

ES 2 375 923 T3

```

aggaaaagaa gaaaaaagat cctgtgaacc ctacgaaact accgaagcga acggaaggca      60
ggaatcggcg gcggcggcgg cgccggcggg ggggagaagc catggagcgg ctgcagcgga      120
tcttcggcgc ctccggcatg gggcagccgc cgtcggactc gccgctgctc gactcctccg      180
agcaggtcta catctcctcc ctgcacctcc tcaagatgct caagcacggg agggccggcg      240
tgccgatgga ggtgatgggg ctgatgctgg gggagttcgt cgacgactac acggtcaggg      300
tggtcgacgt cttcgccatg ccgcagagcg ggaccggggt cagcgctcag gccgtcgacc      360
atgtcttcca gaccaacatg ctcgacatgc tcaagcagac cgggaggcca gaaatggtgg      420
taggttggtta ccattcccat cctggatttg gttgctggct ttcaggagtt gacatcaata      480
ctcaacagag ttttgaagct ttaaacccca gggcagttgc cgtcgtgata gatcccatcc      540
aaagtgtcaa ggggaaagtt gtcattgatg catttcgcct tattaaccct cagaccatga      600
tgcttggtca ggagccacga cagacaacat caaatgttgg gcacctaaat aagccatcta      660
ttcaggctct tattcatggg ctgaacaggc actactattc aattgcaatc aattaccgga      720
aaaatgagct tgaggaaaag atgttactga acttgacaaa aaagaaatgg accgatggat      780
tgattctgaa gaggtttgac actcattcaa agaccaatga gcagactgtt caggaaatgc      840
tgaaccttgc tatcaagtac aacaaggcgg tgcaagagga ggatgagctg ccgcctgaga      900
aattagcgat agcaaatgtg ggacggcaag atgctaagaa gcacttgga gagcatgtct      960
ccaatttgat gtcatacaac atagtctcaga cgctaggaac catgctcgat acagttgtat     1020
tttagatcac tactgctgtt atcccaacac tgtaccaga gctcgtttat tttttatatt     1080
tttatgttta tcgaagccta ccataattca gtgaacttaa cgccagttac atttggggta     1140
tgaaagctta ccacttgaca acttcat

```

<210> 34

<211> 871

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC90038 (PRO0117)

<400> 34

```

cctagctcct cccgccgcgc cgccgccgcg cgccgccgcg tctccactcg agagaccag      60
ccgccgcgcg cgccgccgcg gccatgtcgc tgatcgccgg ggaggacttc cagcacatcc      120
tgctctctgt gaacaccaac gtcgatggga agcagaagat catgttcgcg ctcacctcca      180
tcaagggtgt cggccgcagc ttctccaaca tcgcctgcaa gaaggccgac atcgacatga      240
acaagagggc cggtgagctt acgccggagg agctggagcg gctgatgacc gtggtggcga      300
accgcgggca gttcaaggtg cccgactggt tcctcaacag gaagaaggac tacaaggacg      360
ggaggttctc ccaggttgtc tccaacgcgc tcgacatgaa gctcagggat gatcttgaga      420
ggctcaagaa gatcaggaac caccgtggtc tgaggcacta ctggggcctc cgtgtgcgtg      480
ggcagcacac caagacaacc ggaaggaggg gtaagactgt cgggtgtgtc aagaagcgat      540
aagcctaaga accaccgag acttgatgaa gcgtttcgtt ggggtgatgt ttgccctagg      600
ataatatttt gcagctatgg aaccttgctg taatgtatct tgaagagtgt ctttgggaac      660
taagagtaat ttacttttct tgaaactatt gcagtattga ctcttggttt attgcttttc      720
tccactttct tctaccact taaaactatt gcagtatcga ctcttggttt attgctattc      780
tccactggct tctgccttaa ttttggtatg tgcatgcgct gtgtatctgg ttcattgtgat      840
gtacccatgg cagctttgat gcattgggat t

```

10

<210> 35

<211> 1245

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

5 <223> TC82936 (PRO0122)

<400> 35

acgcggccaa	aacgtaccct	tgtgactaca	cccgtctcgc	ttcctccccct	ctctaagccg	60
gggaagctaa	gccatggcgt	ccgtcaccgc	ccgcaccccgc	gtcgcagccc	tccgctcgtc	120
ggcgtcgtc	aagtctacct	tcctagggca	atcctccacc	cgcctcgccc	gcgcaccgac	180
tacgaggcgt	aatgttcggg	cggaggccaa	gggagagtgg	ctccccggcc	tcctttctcc	240
cacctacctc	aacggcagct	tgccaggcga	taacgggttc	gacccgttgg	gtctggcgga	300
ggacccggag	aacctgcggg	ggttcgtgca	ggcggagtgg	tgaacgggcg	gtgggcgatg	360
ctgggggtgg	ccgggatgct	gctgcctgag	gtgctgacga	agatcggggt	gatcgacgcg	420
ccgcagtggg	acgacgccgg	caaggccacc	tacttcgcgt	cgtcgtcgac	gctgttcgtc	480
atcgagttca	tcctgttcca	ctacgtggag	atccggcggt	ggcaggacat	caagaaccct	540
ggctgcgta	accaggacct	catcttcaag	agctacagcc	tcccgcgcga	cgagtgcggc	600
taccccgcca	gcgtcttcaa	ccccctcaac	ttcgagccca	ccctcgaggc	caaggagaag	660
gagctcgcca	acgggagggt	ggcgatgctg	gcgttcttgg	ggttcctggt	gcagcacaac	720
gtgacgcaga	aggggccctt	cgacaacctg	ctgcagcacc	tgtctgaccc	gtggcacaac	780
accatcatcc	agacgtgtgc	aggctgagcg	tgtgatcgat	ttcatcaggg	ccagggcatac	840
tcaaggagct	tgatgagttc	aggctggtga	aaccgatgat	tgggcgatgg	aagatgttct	900
cttcttgttt	cttctttttt	tttttggtga	gtatgcatgt	ataagatgtt	aatgaattgg	960
ggggaggaga	gagagagaga	tggtatgtgat	gagattcaga	cttactgtgt	gtgttggtgg	1020
aattgtttcc	tgcatgcatg	gatctggatg	catgggtgag	ggggtgagtt	gagtgggtgaa	1080
tttctgatgt	acagtactac	agggggataa	actatctcat	ggtagcagca	gtgttctagc	1140
tatctcatgg	tctcgatctt	aattatggtg	gataaactac	gcttaattgc	ttgtcaagtg	1200
cttcatttgc	gcattgattc	agtattgcgt	atcgattcaa	agacc		1245

<210> 36

<211> 1416

10 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89839 (PRO0123)

15 <400> 36

ES 2 375 923 T3

cccacgcgtc	cgcccacgcg	tccgggacac	cagaaacata	gtacacttga	gctcactcca	60
aactcaaaca	ctcacacca	tggctctcca	agttcaggcc	gcactcctgc	cctctgctct	120
ctctgtcccc	aagaagggt	acttgagcgc	ggtggtgaag	gagccggggt	tccttagcgt	180
gagcagaagg	ccaagaagcc	gtcgtctggt	gtgagggcgg	tggcgacgcg	gcgggccggg	240
ggcgagcccc	ggcgcgggca	cgtcgaaggc	ggacgggaag	aagacgctgc	ggcagggggt	300
ggtggtgac	accggcgcg	cgtcggggct	cggtctcgcg	gcggcgaaag	cgcttggcgg	360
agacggggaa	gtggcacgtg	gtgatggcgt	tccgcgactt	tcctgaaggc	ggcgacggcg	420
gcgaaggcgg	cggggatggc	ggcggggagc	tacacgctca	tgcacctgga	cctcgccctc	480
ctcgacagcg	tccgccagtt	cgtggacaac	ttccggcgct	ccggcatgcc	gctcgacgcg	540
ctggtgtgca	acgccgcaca	tctaccggcc	gacggcgcg	caaccgacgt	tcaacgccga	600
cgggtacgag	atgagcgctg	gggtgaacca	cctggggccac	ttcctcctcg	cccgcctcat	660
gctcgacgac	ctcaagaaat	ccgactaccc	gtcgcggcgg	ctcatcatcc	tcggctccat	720
caccggcaac	accaacacct	tcgccggcaa	cgtccctccc	aaggccgggc	taggcgacct	780
ccgggggctc	gccggcgggc	tccgcgggca	gaacgggtcg	gcgatgatcg	acggcgcgga	840
gagcttcgac	ggcgccaagg	cgtacaagga	cagcaagatc	tgtaacatgc	tgacgatgca	900
ggagttccac	cggagattcc	acgaggagac	cgggatcacg	ttcgcgtcgc	tgtaccgggg	960
gtgcatcgcg	acgacgggct	tgttccgcga	gcacatcccg	ctgttccggc	tgctgttccc	1020
gccgttccag	cggttcgtga	cgaagggggt	cgtgtcggag	gcggagtccg	ggaagcggct	1080
ggcgaggtg	gtgggcgacc	cgagcctgac	caagtccggc	gtgtactgga	gctggaacaa	1140
ggactcggcg	tcgttcgaga	accagctctc	gcaggaggcc	agcgaccccg	agaaggccag	1200
gaagctctgg	gacctcagcg	agaagctcgt	cggcctcgte	tgagtttatt	atttaccat	1260
tcgtttcaac	tgttaatttc	ttcgggggtt	aggggggttc	agctttcagt	gagagaggcc	1320
tgtcaagtga	tgtacaatta	gtaatttttt	tttaccgcac	aatcatgca	ataaaaccac	1380
aggcttacat	tatcgatttg	tccaccta	ttaagt			1416

<210> 37

<211> 1149

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

<223> TC85888 (PRO0133)

<400> 37

cttctacttc	tatcatacca	aacaaactag	cttaatttgc	attgcatcac	attgccggcc	60
gccatgagag	ctctcgctct	cgcggtggtg	gccatggcgg	tggtaggcgt	gcgcggcgag	120
cagtgcggca	gccaggccgg	cggcgcgctc	tgccccaact	gcctctgctg	cagccagtac	180
ggctggtgcg	gctccacctc	cgattactgc	ggcgccggct	gccagagcca	gtgctccggc	240
ggctgcggcg	gcggcccgac	cccgcctcc	agcggtggcg	gcagcggcgt	cgcctccatc	300
atatcgccct	cgctcttcga	ccagatgctg	ctccaccgca	acgaccaggc	gtgcgcgct	360
aagggcttct	acacctacga	cgccttcgtc	gccgcgcgca	acgcctacct	ggacttcgcc	420
accaccgcg	acgccgacac	ctgcaagcgc	gaggtcgcgg	ccttcctggc	gcagacgtcc	480
cacgagacca	ccggcggtg	gcccacggcg	cccgacggcc	cctactcctg	gggtactgc	540
ttcaaggagg	agaacaacgg	caacgcccc	acatactgcg	agcccaagcc	ggagtggccg	600
tgcgccggcg	cgaagaagta	ctacggccgg	ggacccatcc	agatcaccta	caactacaac	660
tacggccgcg	gggcaggcat	cggctccgac	ctgctcaaca	acccggacct	ggtggcgctg	720
gacgccagtc	tccttcaaga	cggcggttctg	gttctggatg	acgcgcgagt	cgcccaagcc	780
gtcgtgccac	gcggtgatca	ccggccagtg	gacgcggtcc	gccgacgacc	aggcgggcggg	840
gcgcgttccg	ggctacggcg	agatcaccaa	catcatcaac	ggcggtgtgg	agtgcgggca	900
cggcgcggac	gacaagggtg	ccgaccggat	cgggttctac	aagcgctact	gcgacatgct	960
gggcgtcagc	tatggcgata	acctggattg	ctacaaccag	aggccctacc	cgccttccta	1020
gttgatattt	gatccgagca	gacgaataaa	atacaatgca	cacgagattg	tgagactcga	1080
gaaaacatat	actacctctg	aatttttaata	catatctcta	aaacaaaaaa	aaaaaaaaaa	1140
aaaatatac						1149

<210> 38

<211> 981

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC84300 (PRO0151)

<400> 38

aagaggcaag	agcatccgta	ttaaccagcc	ttttgagact	tgagagtgtg	tgtgactcga	60
tccagcgtag	tttcagttcg	tgtgttggtg	agtgattcca	gccaagtttg	cgatggcttc	120
tcagcaggaa	cggttagct	accacgccgg	cgagaccaag	gcccgcgcgg	aggagaagac	180
ggggcgcatg	atgggcacgg	cgcaggagaa	ggcgcgggag	gccaaggaca	cggcgctccga	240
cgccgcgggg	cgcgcgatgg	gcaggggaca	cggcgccaag	gaggcgacca	aggagaaggc	300
gtacgagacc	aaggacgcga	ccaaggagaa	ggcgtagcag	gcaaaggacg	cggcctccga	360
cgccaccggc	cgcgccatgg	acaagggccg	cggcgccgcg	ggcgccacga	gggacaaggc	420
gtacgatgcc	aaggacaggg	cggctgacac	ggcgcgagtcc	gccgcccagc	gcgcccgcga	480
cggcgccggg	cagaccggga	gctacattgg	acagaccgcc	gaggccgcca	agcagaaagc	540
ggccggcgcc	gcgcagtagc	ccaaggagac	cgcgatcgcc	ggcaaggaca	agaccggcgc	600
cgtgctccag	caggcagggg	agcaggtgaa	gagcgtggcg	gtggggggcg	aggacgcggt	660
gatgtacacg	ctcgggatgt	caggcgataa	caagaacaac	gccgctgccg	gcaaggacac	720
cagcacctac	aagcctggaa	ctgggagtg	ctaccagtaa	tacggtagaa	gaagcatgtg	780
tcgtcttttg	cactgatgcc	aaagtgtacg	tgttgtatcc	tcttttttaa	gtttcagctc	840
gacttcgacg	tgttcggtgt	cacacttttg	tttttcagtt	gtgctcaact	gttcatgttt	900
ctggttccat	ggagggccag	tgtggaggtc	aatgtttaag	ctttcgtttt	aaaatctgat	960
aataaagttg	gttaagacct	g				981

10

<210> 39

<211> 1203

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

5 <223> TC89687 (PRO0169)

<400> 39

tactcctctc	tctcacctcc	accatctagc	tcactcacac	agtctccact	cacacgcatt	60
gcagaggaga	ggcgacaatg	gaggggaagg	aggaggacgt	gcggctgggg	gcgaacaggt	120
actcgagagag	gcagccgata	gggacggcgg	cgcagggcgc	gggggacgac	aaggactaca	180
aggagccgcc	gccgggccgc	tgttcgagcc	aggggagctc	aagtcgtggt	ctttctaccg	240
ggccgggatac	gccgagttcg	tcgccacctt	cctcttcctc	tacatcacca	tcctcacctg	300
catgggggtc	tccaagtcct	cctccaagtg	cgccaccgtc	ggcatccagg	gcatcgctg	360
gtccttcgga	ggcatgatct	tcgcgctcgt	ctactgcacc	gccggcatct	ccggaggaca	420
catcaaccca	gcagttactt	ttgggctggt	cttggccagg	aagctgtccc	tgaccggggc	480
catcttctac	atagtgatgc	aatgcctagg	ggccatctgc	ggagctggag	ttgtgaaggg	540
cttccagcag	ggtctgtaca	tgggcaatgg	cgggtggtgcc	aatgtagttg	ccagtggcta	600
caccaaggggt	gacggtcttg	gtgctgagat	tgttggcacc	ttcatcctgg	tctacaccgt	660
cttctcagcc	actgatgcca	agaggaatgc	cagggactca	catgttccta	tccttgcccc	720
actgccaatt	ggtttttcgg	tgttcctggt	ccacctggcc	accatcccca	tcaccggtac	780
tggcatcaac	ccagccagga	gccttggcgc	tgccatcatc	tacaacaagg	accatgcctg	840
gaatgaccat	tggatcttct	gggttgggtcc	cttcggttggc	gctgccctgg	ctgccatcta	900
ccaccaggtg	atcatcaggg	cgatcccatt	caagagcagg	tcttaagccc	cgcgcgcgcg	960
ctgcgcagcc	gacgacatgc	aacgcaatcg	tgatgtcctg	tttcccgcgc	gctactgctg	1020
cgcactctgtc	gattccctct	atctctagtc	cccaagatgt	ttttcctatc	tgaaccctga	1080
acaactcaat	cgtgtaatcc	agtactcagt	cactgtatgt	ttttatgtga	tggagatctt	1140
aattcttaag	ttatcatctc	tgttgctgga	aatccgggtt	cctcttcgtg	catgaaccgc	1200
gcc						1203

<210> 40

<211> 964

10 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89846 (PRO0170)

15 <400> 40

ES 2 375 923 T3

cccacggttc	cgcccacggt	cgcgccacgg	tcgccttctc	ttctctgggtg	gtgtgggtgt	60
gtccctgtct	cccctctcct	tcctcctctc	ctttcccctc	ctctcttccc	ccctctcaca	120
agagagagag	cgccagactc	tcccacggtg	aggattcagc	catgaagggg	gccaaatcca	180
agggcgccgc	caagcccgc	gccaaagtgg	ctgtgaagag	taagggcgcg	gagaagcccg	240
ccgccaaggg	caggaagggg	aaggccggca	aggaccccaa	caagcccaag	agggctccct	300
ccgctttctt	cgtttttatg	gaggagtcc	gtaaggagtt	caaggagaag	aacccaaga	360
ataaatctgt	cgctgctgta	ggaaaagcag	cgggtgatag	gtggaaatcc	ctgaccgaag	420
cggacaaggc	tccttatgta	gccaaaggcca	acaagctcaa	ggccgagtac	aacaaggcca	480
ttgctgccta	caacaagggc	gagagcactg	ccaagaaggc	accgccaag	gaggaagagg	540
aggacgacga	ggaggaatct	gacaagtcca	agtccgaggt	caatgatgag	gatgacgacg	600
agggcagcga	agaggatgaa	gacgatgacg	agtgagcctt	ccagtggaca	agatgggagc	660
agcaagacgc	taagggcggc	gggcgtccta	aggagcctat	ccatcatcat	catcgtctac	720
tagaattatt	cagtttcact	tcacatcgtg	atgttttact	ttttctctcg	tcctataacg	780
gatagcgctc	cttggtggcg	ccactgggtg	gtgttggtgt	gcagccaatg	tcttgtctcc	840
accgtcaatg	atccgcttgt	acctagatta	ctctttccat	tgtcatcggc	taacattgtg	900
ataatatcag	tttgcgtatg	ttagattaaa	ttgtttctaa	ttccgctcgt	ttcttcttcc	960
ttgc						964

<210> 41

<211> 1542

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC82935 (PRO0171)

<400> 41

ES 2 375 923 T3

cacacctcac	acctcaccac	catcacctcc	tectectcct	cctcttctct	cgcgcgcgcg	60
agatccagg	agagggagag	ggagagatca	tggcggggac	ggtgaacggtg	ccgtcggcgt	120
cgggtccgctc	gacgccgctg	ctcaaggacg	agctggacat	cgtgatcccg	acgatccgca	180
acctggactt	cctggagatg	tggcggccct	tcttccagcc	ctaccacctc	atcatcgtgc	240
aggacggcga	cccgaccaag	accatccgcg	tccccgaggg	cttcgactac	gagctctaca	300
accgcaacga	catcaaccgg	atcctcggcc	ccaaggcctc	ctgcatctcc	ttcaaggact	360
ccgcatgccg	ctgcttcggc	tacatggtct	ccaagaagaa	gtacgtcttc	accatcgacg	420
acgactgctt	cgttgccaag	gacccatctg	gcaaggacat	caatgctctt	gagcagcaca	480
tcaagaacct	cctcagcccc	tccaccccgt	tcttcttcaa	caccttggtat	gatccctacc	540
gcgaaggcgc	tgactttgtc	cgtgggttacc	ccttcagcct	cagggagggga	gccaagactg	600
ctgtctctca	cggcctgtgg	cttaacatcc	ctgactatga	tgctcctact	cagatgggtca	660
agcctcgtga	gaggaactcc	aggatatgtg	atgctgtcat	gactgtgccc	aagggaacct	720
tgttcccat	gtgtggcatg	aaccttgctt	ttgaccgtga	tctcatcggt	cctgcaatgt	780
actttggtct	catgggtgat	ggccagccta	ttggtcgcta	cgacgacatg	tgggctggat	840
ggtgcatgaa	ggtcatctgt	gaccacctga	gcctgggagt	gaagactgga	ctgccgtaca	900
tctggcacag	caaggctagc	aaccccttcg	tgaacttgaa	gaaggaatac	aagggcattct	960
tctggcagga	ggacatcatc	cccttcttcc	agaacgccac	catccccaa	gagtgcgaca	1020
ccgtccagaa	gtgctacctc	tccctcgccg	agcaggtcag	ggagaagctc	ggcaagatcg	1080
accctactt	cgtcaagctt	gccgatgcc	tgggtcacctg	gatcgaggcc	tgggatgagc	1140
tgaacccctc	gactgctgct	gtcgagaacg	gcaaggccaa	gtagattgat	cctgggagct	1200
tggtgtgcgc	aggatggaaa	gtacccttta	agtgaagtg	ttgctgtggc	ctaggccccc	1260
tagatatagc	tctttttgag	atgaaggag	agattactta	agcaacttta	taattctttg	1320
ttgttatgct	ggttcttttg	tagctggaaa	aggatttggt	atcatcgttt	acataattca	1380
agacaataat	aattttatca	tgtaattttg	atagtcgtgc	tttggttgct	aaatggtggt	1440
attgtattta	ataacctttg	caaatcacta	tacctgttgg	ttgttctgag	aattgtatgc	1500
actaccatat	tatatattcta	aatcatttcg	taggcattat	gg		1542

<210> 42

<211> 1432

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC82977 (PRO0173)

<220>

10 <221> característica nueva

<222> (1429)..(1429)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 42

aaaagagcag	cgtcgcctct	cctcctcctt	aacccctacg	cttccagaac	cttctcgaag	60
ctcccgcctc	cccccccctt	ccgctccaat	ggcgaaggaa	ccgatgcgcg	tgctcgtcac	120
cggcgcgcga	ggacaaattg	gatatgctct	tgtcccatg	attgctaggg	gtgtgatggt	180
gggtgctgac	cagcctgtta	ttctacacat	gcttgacatt	ccaccagcta	ctgaatctct	240
taatggcctt	aagatggagc	tggttgatgc	tgcatttcct	cttttgaagg	gaattgtcgc	300
aacaactgat	gttgtggagg	cctgcactgg	tgtgaatggt	gcggttatgg	ttggtggggt	360
ccccaggaag	gaggggaatgg	aaaggaagga	tgttatgtca	aaaaatgtct	ccatctacaa	420

ES 2 375 923 T3

atcccaagct	tctgctcttg	aggctcatgc	agcccctaac	tgcaagggtc	tggtagttgc	480
caatccagca	aacaccaacg	ctctcatctt	aaaagaattc	gtcccatcca	tccctgagaa	540
gaacattact	tgctcacc	gtcttgacca	caacagggca	cttgccaga	tctctgaaaa	600
acttaatgtc	caagttactg	atgtgaagaa	tgcgatcatc	tggggcaacc	actcatccac	660
ccagtaccct	gatgttaacc	acgcactgt	gaagactccc	agtggagaga	agcctgtcag	720
ggaactcgtt	gctgatgatg	agtgggttaa	tacggaattc	atctctaccg	tccagcagcg	780
tggtgccgcc	atcatcaagg	cgaggaagca	atccagtgcc	ctatctgctg	ccagctctgc	840
atgcatcac	attcgtgact	gggttcttgg	cactcctgag	ggaacatttg	tctccatggg	900
tgtgtactct	gatggttcgt	atgggtgtgc	tgctggtctg	atctactcgt	tcccagtaac	960
atgcagtgg	ggcgaaatga	cgattgttca	gggtctccc	atcgacgagt	tctcaaggaa	1020
gaagatggac	gcgactgccc	aggagctgtc	ggaggagaag	acgctcgctt	actcatgcct	1080
caactaaaac	taagcaatac	ccagagggac	agatagttag	cgattgcccc	ctcccgtgtt	1140
tttgaataaa	agagactttt	aagttccatc	acatagaaac	tgtttatctc	agaccgctgc	1200
acatcgcgag	atgtggagcg	cagatgccgt	tgctggtttt	actccagtgt	gtattgaggc	1260
tttgtactag	ctcccttttt	tttgcctggt	gattcgagcg	acatttgctg	aaaacattga	1320
accattttga	catctgatgg	aatcatggac	cagtagcaag	tacatttttg	cgaaagcata	1380
atctgcatcg	ggcttgggct	ggtgggtgaa	ctttctgcc	catggcccnt	gg	1432

<210> 43

<211> 659

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83646 (PRO0175)

<400> 43

gctaagtgag	ctagccactg	atcagaagaa	caactcgatc	tctgagagtg	ttttttcagc	60
tttagcttaa	gcaggatgga	gcaccagggg	cagcacggcc	acgtgaccag	ccgcgtcgac	120
gagtacggca	acccggtcgg	caaccggcgc	ggacacggcc	agatgggcac	cgccggcatg	180
gggacgcacg	gcaccgccc	caaccggcgc	ggccagttcc	agccgatgag	ggaggagcac	240
aagaccggcg	gcgtcctgca	acgtccggc	agctccagct	caagctcgtc	tgaggatgat	300
ggaatgggag	ggaggaggaa	gaaggggatc	aaggagaaga	tcaaggagaa	gctccccggc	360
ggcaacaagg	gcgagcagca	gcattgccatg	ggcggcaccg	gcaccggcac	cggcacccggc	420
accggaaccg	gcggcgctta	cgggcagcag	ggccacggca	ccgggatgac	caccggcacc	480
accggcgcac	acggcaccac	caccaccgac	accggcgaga	agaagggcac	catggacaag	540
atcaaggaga	agctgcccgg	ccagcactga	gctcgacaca	ccaccacacc	atgtgtctgc	600
gcccccgggc	accgccgcc	cgtcaccttc	ctgaataata	agatgagcta	accgagcgc	659

10

<210> 44

<211> 1310

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15

<220>

<221> característica nueva

<223> TC90619 (PRO0177)

<400> 44

ggaccagcga	gcaaccagcc	ccccgcccc	aatggcgcca	gagcagcttt	gcccaccgct	60
gccgcttttg	cccacctctc	ctccgattaa	tcccctcccc	tcctcttcct	cccacttctc	120
cgcctcctct	tcctccccct	gccgacccta	cctactcgcg	ccgcgcgcgt	cgcattgggc	180
ggcaaacgga	gggggggtta	accctgatgg	agcagtacga	gaaggaggag	aagattgggg	240
agggcacgta	cggggtggtg	tacagggcgc	gggacaaggt	caccaacgag	acgatcgcg	300
tcaagaagat	ccggcttgag	caggaggatg	agggcgctcc	ctccaccgca	atccgcgaga	360
tctcgctcct	caaggagatg	catcacggca	acatcgtcag	gttacacgat	gttatccaca	420
gtgagaagcg	catatatctt	gtctttgagt	atctggatct	ggacctaaag	aagttcatgg	480
actcttgctc	agagtttgcg	aaaaacccca	ctttaattaa	gtcatatctc	tatcagatac	540
tccgcggcgt	tgcttactgt	cattctcata	gagttcttca	tcgagatttg	aaacctcaga	600
atttattgat	agatcggcgt	actaatgcac	tgaagcttgc	agactttggt	ttagccaggg	660
catttggaat	tcctgtccgc	acgtttactc	acgaggttgt	aaccttggtg	tatagagctc	720
cagagatcct	tcttggtatca	aggcagtatt	ctacaccagt	tgatatgtgg	tcagttgggt	780
gtatctttgc	agaaatgggt	aaccagaaac	cactgttccc	tggtgattct	gagattgatg	840
aattatttaa	gatattcagg	gtactaggaa	ctccaaatga	acaaagttgg	ccaggagtta	900
gctcattacc	tgactacaag	tctgctttcc	ccaagtggca	agcacaggat	cttgcaacta	960
ttgtccctac	tcttgaccct	gctggtttgg	accttctctc	taaaatgctt	cggtagcgagc	1020
caaacaaaag	gatcacagct	agacaggctc	ttgagcatga	atacttcaag	gaccttgaga	1080
tggtacaatg	accctgctat	ggctttacat	tggtattggca	tatgtatggg	ctgggctcct	1140
catttcattc	cttctgtgaa	cgtctgtccc	ttcgtttggg	catttttgtc	attcagctgg	1200
atatttcaaa	tcttgtgtgt	ttgatatgta	ttcaggaacg	ctaaatagat	caccgtcttg	1260
gtctctattt	gttcagagta	aatatcttcc	aatgctgcct	ttcagtttcc		1310

5 <210> 45

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> prm3780

<400> 45

ggggacaagt	ttgtacaaaa	aagcaggctt	cgacgctact	caagtgggtg	gaggc	55
------------	------------	------------	------------	------------	-------	----

<210> 46

<211> 55

15 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2768

<400> 46

	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc ccgatttagt agaccacatt ttggc	55
	<210> 47	
	<211> 54	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm2420	
	<400> 47	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta tgccatcgag tgggtgtgccg atac	54
10	<210> 48	
	<211> 54	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
15	<223> prm2853	
	<400> 48	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt ctcttctgaa gctgaagccc tgcg	54
	<210> 49	
	<211> 53	
20	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm2426	
	<400> 49	
25	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta aaaccaccga gggacctgat ctg	53
	<210> 50	
	<211> 55	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	

ES 2 375 923 T3

<223> prm2855

<400> 50

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc ctagctatat gcagagggtg acagg 55

<210> 51

5 <211> 53

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3025

10 <400> 51

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta tgggtgccatg tcaataagac atc 53

<210> 52

<211> 56

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3029

<400> 52

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg tttttctatg aaccgggtcat taaacc 56

20 <210> 53

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

25 <223> prm3061

<400> 53

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc ctgatggatg atgaatcact gatcg 55

<210> 54

<211> 57

30 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3031

<400> 54

5 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt cgttaagttt gatgatttct gatgacc 57

<210> 55

<211> 53

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> prm3051

<400> 55

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg ccgccgctcg ctcgcttcgt tcg 53

<210> 56

15 <211> 58

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3592

20 <400> 56

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc gtgttcatgt tcgcatttag gattggac 58

<210> 57

<211> 55

<212> ADN

25 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm5131

<400> 57

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc agatgccaca gtatggtgta ccacc 55

ES 2 375 923 T3

<210> 58

<211> 56

<222> ADN

<223> Secuencia artificial

5 <220>

<223> prm3782

<400>

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt tgcagttgtg accaagtaag ctgagc 56

<210> 59

10 <211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2844

15 <400> 59

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt ttggcgcggg gcagaagagt ggac 54

<210> 60

<211> 57

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2973

<400> 60

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg cttgagtcac agggagaaaa caaatcg 57

25 <210> 61

<211> 53

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

ES 2 375 923 T3

<223> prm3770

<400> 61

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc gtctctcttt tgtaacggct cgc

53

<210> 62

5 <211> 56

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3772

10 <400> 62

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc atgcgggctaa tgtagatgct cactgc

56

<210> 63

<211> 53

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3774

<400> 63

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt agtaccattc ttccctcgtg agc

53

20 <210> 64

<211> 53

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

25 <223> pm3776

<400> 64

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg tttggttggt gaccgcaatt tgc

53

<210> 65

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3800

5 <400> 65

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg tcaccaccgt catgtacgag gctgc 55

<210> 66

<211> 55

<212> ADN

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm5135

<400> 66

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc agacacctag aatatagaca ttccc 55

15 <210> 67

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

20 <223> prm3781

<400> 67

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atcacaagcg cagctaataca ctagc 55

<210> 68

<211> 57

25 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2769

<400> 68

30 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gtgtagaaaa tcttaacccg aaaatcg 57

<210> 69

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> prm2421

<400> 69

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gtgaggtgcc ggggaagcga cgttg

55

<210> 70

10 <211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2854

15 <400> 70

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt tcttctttcc cttggaacta accg

54

<210> 71

<211> 54

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2427

<400> 71

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt gtcgctttta tttggcttgg tgtg

54

25 <210> 72

<211> 56

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

30 <223> prm2856

	<400> 72	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc tctagctcga tctctcttgc aaaagc	56
	<210> 73	
	<211> 49	
5	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3026	
	<400> 73	
10	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gcgatgagat cttcctccg	49
	<210> 74	
	<211> 59	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> prm3030	
	<400> 74	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt tttgtaggat tctactacta tgcttcaac	59
	<210> 75	
20	<211> 62	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3062	
25	<400> 75	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta ttgtgtaaattttctattg tccagtaatc ac	60 62
	<210> 76	
	<211> 54	
	<212> ADN	

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3032

<400> 76

5 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atggcagagt taattagcaa acgc 54

<210> 77

<211> 50

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> prm3052

<400> 77

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc taagggcagc agccattggg 50

<210> 78

15 <211> 60

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3049

20 <400> 78

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gcggcggcgg cggcggcggc ggctgggtct 60

<210> 79

<211> 54

<212> ADN

25 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2195

<400> 79

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc ggcttagaga ggggaggaag cgaa 54

30 <210> 80

<211> 58

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> prm2197

<400> 80

ggggaccact ttgtacaaga aagctggggtt ggtgtgagtg ttgagtttg gaggtagc 58

<210> 81

<211> 57

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2845

<400> 81

15 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc ggcaatgtga tgcaatgcaa attaagc 57

<210> 82

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

20 <220>

<223> prm2974

<400> 82

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcaaacttgg ctggaatcac tcacc 55

<210> 83

25 <211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3771

30 <400> 83

ES 2 375 923 T3

ggggaccact ttgtacaaga aagctggggtt gtcgcctctc ctctgcaatg cgtg 54

<210> 84

<211> 52

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3773

<400> 84

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gctgaatcct gcgagaaggg cg 52

10 <210> 85

<211> 54

<222> ADN

<213> Secuencia artificial

<223> prm3775

15 <400> 85

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atctctccct ctccctctcc ctgg 54

<210> 86

<211> 52

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3777

<400> 86

ggggaccact ttgtacaaga aagctggggtt ggagcggaag gggggggggga gc 52

25 <210> 87

<211> 57

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3801

<400> 87

ggggaccact ttgtacaaga aagctggggtc actctcagag atcgagggtgt tcttctg 57

<210> 88

5 <211> 52

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm5136

10 <400> 88

ggggaccact ttgtacaaga aagctggggtc gcccgcagct cgcccccgct cg 52

REIVINDICACIONES

1. Una construcción genética que comprende:
 - i) un promotor aislado capaz de dirigir y/o de regular la expresión en tejido verde de una planta, que comprende:
 - a. un ácido nucleico aislado como el presentado en la SEQ ID NO. 14 o el complemento de la SEQ ID NO. 14; o
 - 5 b. un ácido nucleico aislado que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con secuencias de ADN como las presentadas en la SEQ ID NO. 14; o
 - c. un ácido nucleico aislado que hibrida específicamente bajo condiciones rigurosas con secuencias de ADN como las presentadas en la SEQ ID NO. 14; o
 - d. un ácido nucleico aislado como el definido en cualquiera de los ítems (a) hasta (c), que está interrumpido por una
 - 10 e. un fragmento de al menos 250 pb de cualquiera de los ácido nucleicos como los definidos en (a) hasta (d), cuyo fragmento es capaz de dirigir y/o de regular la expresión y
 - ii) una secuencia de ácido nucleico heterólogo operativamente enlazada a un promotor aislado de (i), y opcionalmente
 - 15 iii) un terminador 3' de la transcripción.
2. Una construcción genética de acuerdo con la reivindicación 1 que comprende un promotor, que es un promotor híbrido que contiene al menos una parte de un promotor como se define en la reivindicación 1 i) y que contiene además otra parte de un promotor.
3. Un casete de expresión que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó 2.
- 20 4. Un vector de transformación que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó 2.
5. Un vector de expresión que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó 2.
6. Una célula huésped que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó 2, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 3, o un vector de transformación como se define en la reivindicación 4, o un vector de expresión como se define en la reivindicación 5.
- 25 7. Una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 6, seleccionada de entre bacterias, algas, hongos, levadura y una célula vegetal.
8. Una célula de una planta transgénica que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó 2, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 3 o un vector de transformación como se define en la reivindicación 4 o un vector de expresión como se define en la reivindicación 5.
- 30 9. Una célula de una planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 8, que es una célula de una planta monocotiledónea.
10. Una célula de una planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 8, que es una célula de una planta dicotiledónea.
11. Una planta transgénica que comprende una célula de una planta transgénica como se define en la reivindicación 9 ó 10.
- 35 12. Una célula de una planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 11, en donde dicha planta se selecciona de entre arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, avena, centeno, sorgo, soja, girasol, canola, caña de azúcar, alfalfa, frijol, alubias, lino, lupino, colza, tabaco, tomate, patata, calabaza, papaya, álamo y algodón.
13. Parte de una planta, preferiblemente una parte cosechable, un propágulo o progenie de una planta como se define en la reivindicación 11 ó 12 que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó
- 40

2, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 3, o un vector de transformación como se define en la reivindicación 4, o un vector de expresión como se define en la reivindicación 5.

14. Método para la producción de una planta transgénica, que comprende:

5 (a) La introducción en una célula vegetal de una construcción genética como se define en la reivindicación 1 ó 2, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 3, o un vector de transformación como se define en la reivindicación 4 o un vector de expresión como se define en la reivindicación 5, y

(b) El cultivo de dicha célula vegetal bajo condiciones que promuevan el crecimiento de la planta.

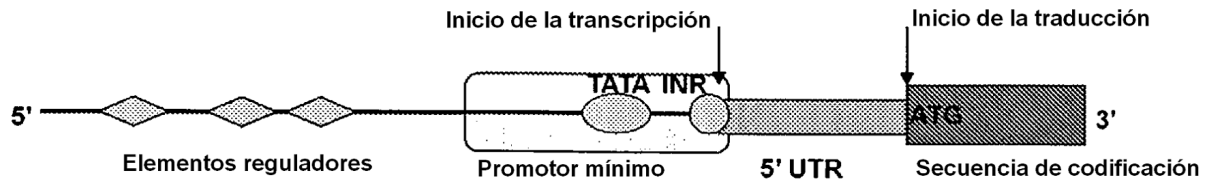


FIGURA 1

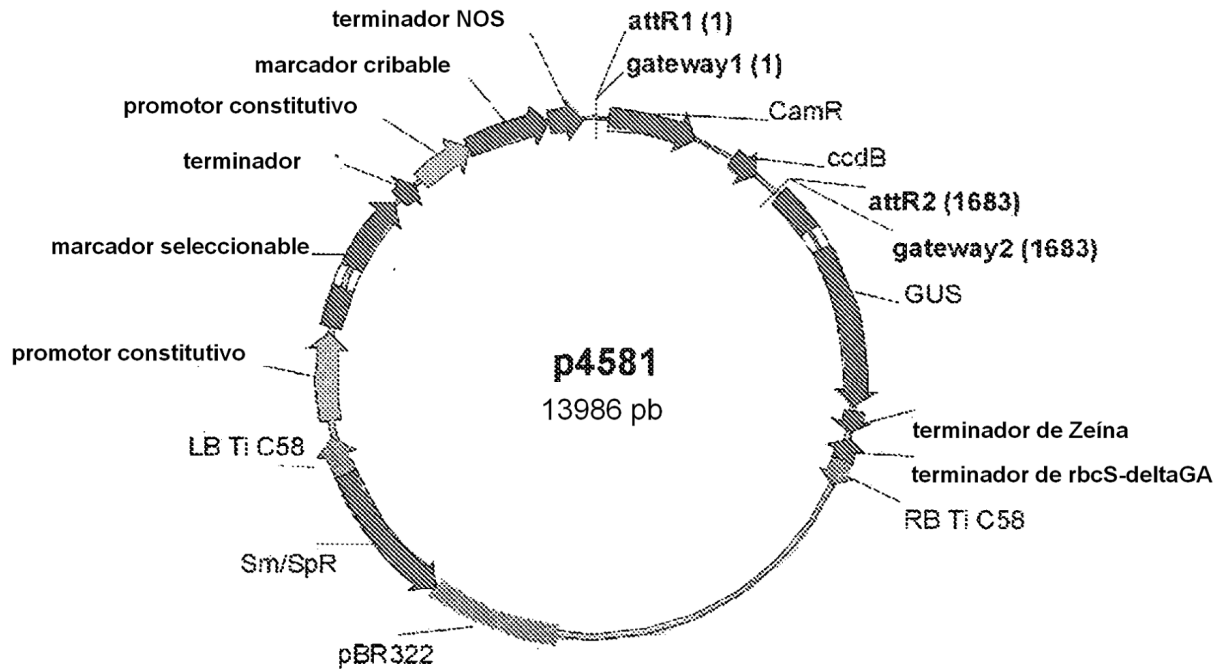


FIGURA 2

PRO0110 RCc3

planta C

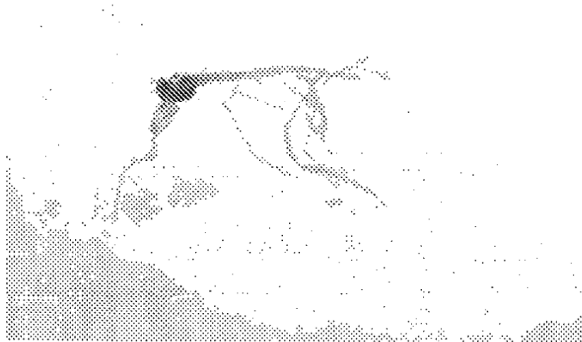


FIGURA 3

PRO0005 beta-amilasa putativa

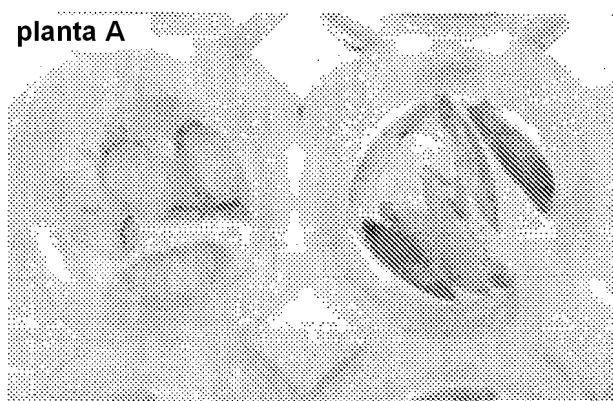


FIGURA 4

PRO0009 celulosa sintasa putativa

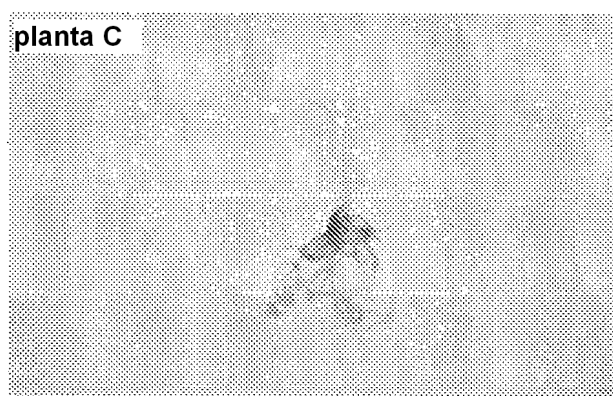


FIGURA 5

PRO058 inhibidor Rgpi9 de proteinasa

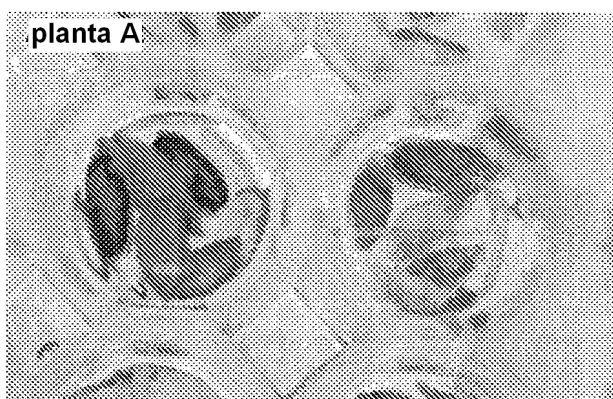


FIGURA 6

PRO061 beta-expansina EXPB9

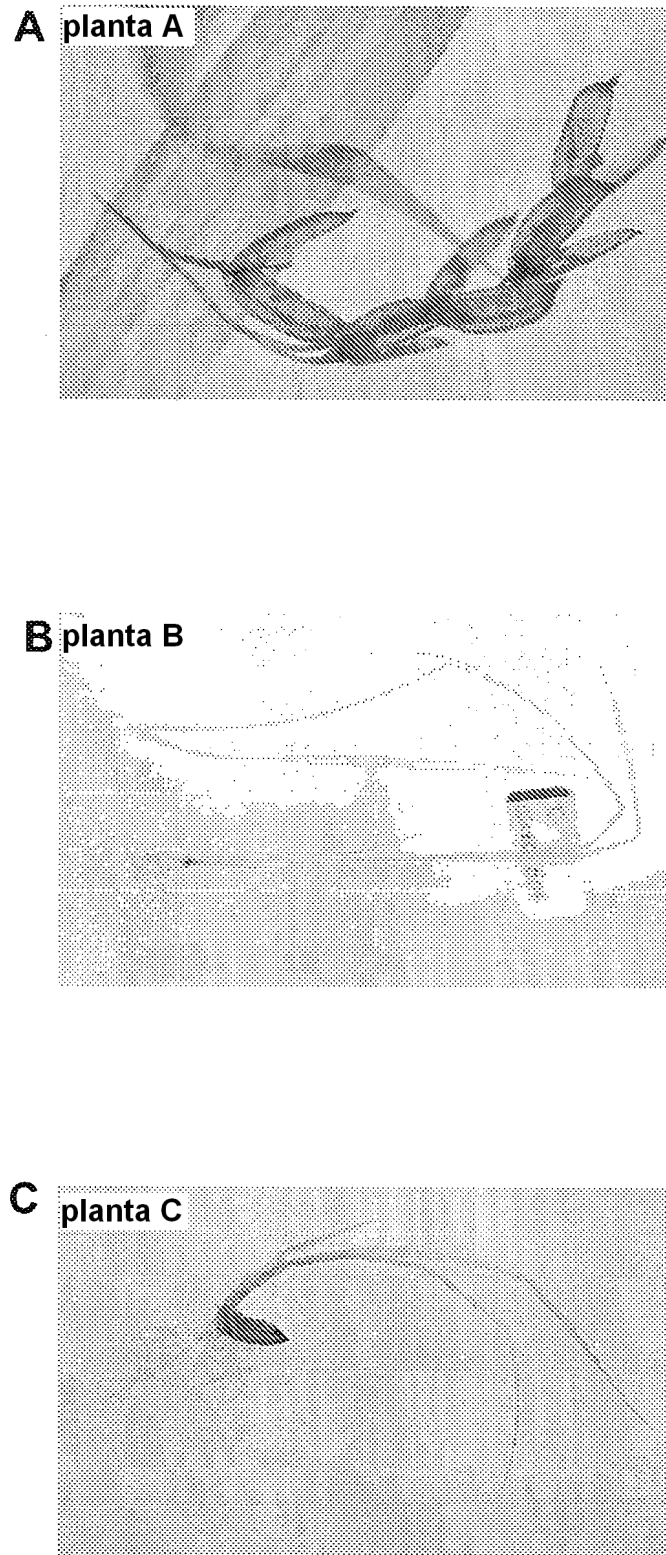


FIGURA 7

PRO0063 proteína estructural

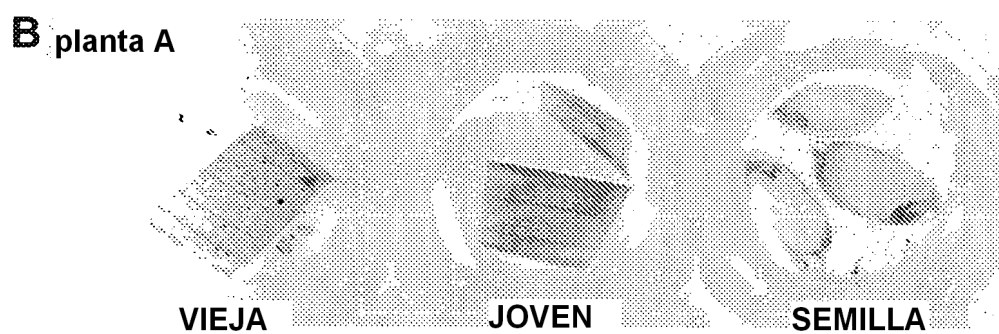
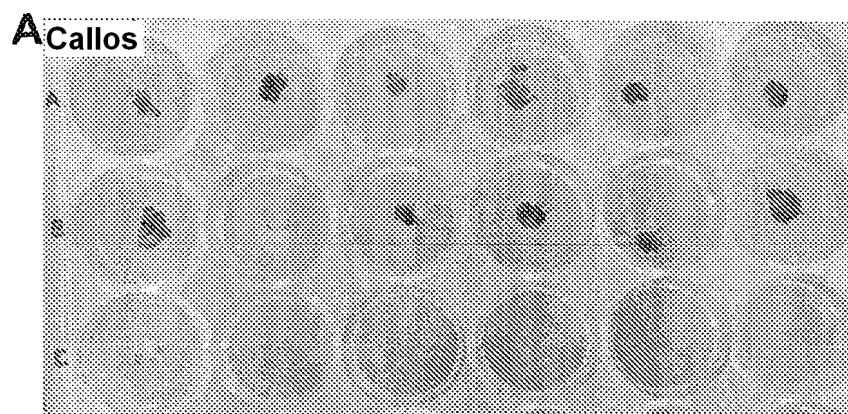


FIGURA 8

PRO0081 cafeoil CoA 3-O-metiltransferasa putativa

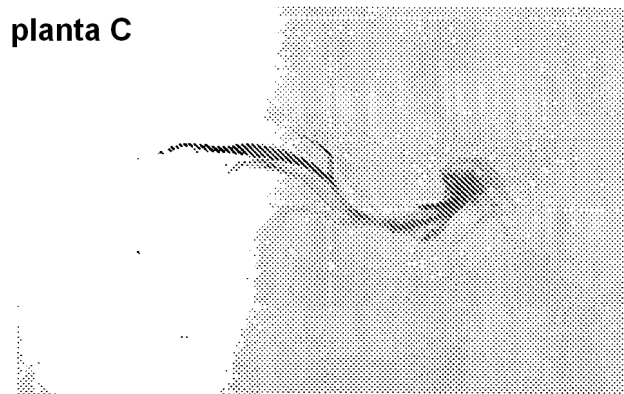


FIGURA 9

PRO0091 prolamina RP5

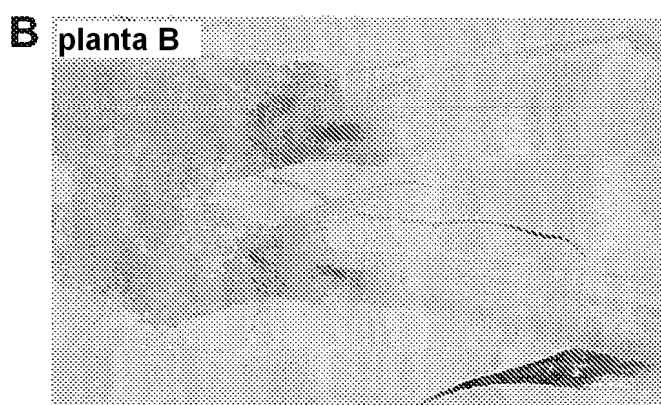
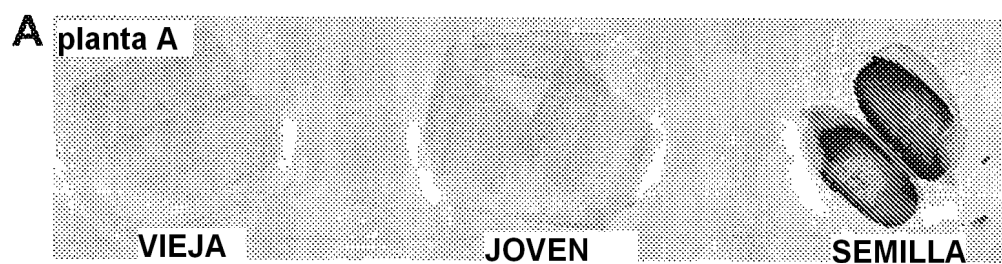


FIGURA 10

PRO0095 metionina aminopeptidasa putativa

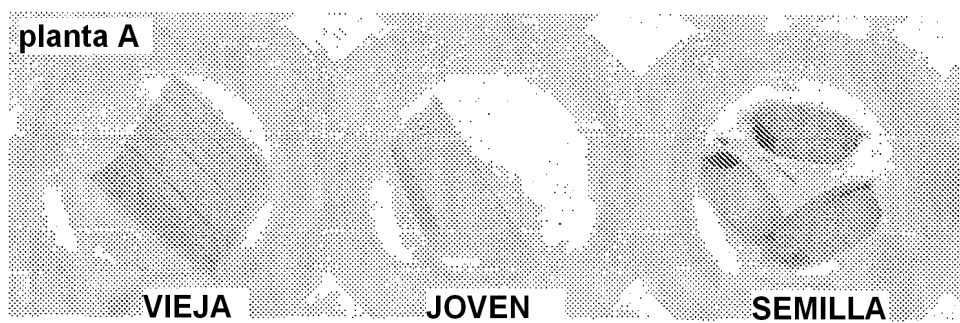


FIGURA 11

PRO0111 proteína como la uclacianina 3

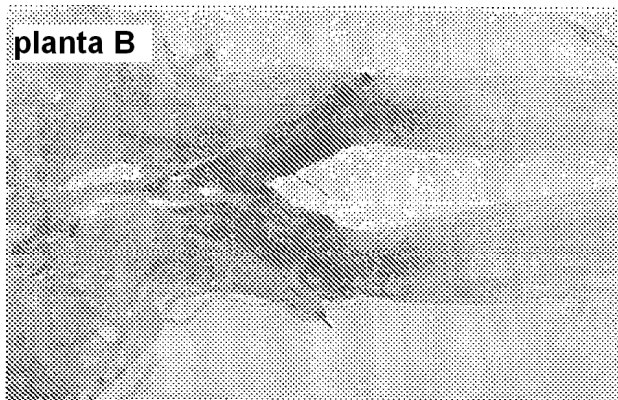


FIGURA 12

PRO0116 subunidad 11 que no es ATPasa de la partícula reguladora del proteosoma 26S

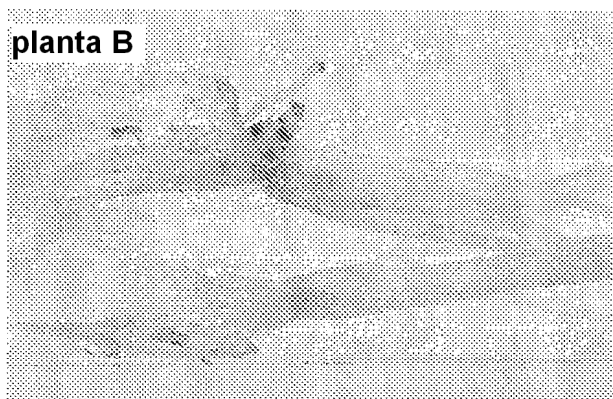


FIGURA 13

PRO0117 proteína ribosomal 40S putativa



FIGURA 14

PRO0122 precursor de la proteína de enlace de clorofila a/b (Cab27)

planta C

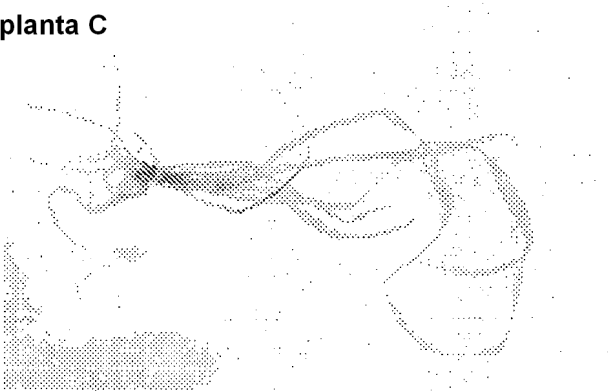


FIGURA 15

PRO0123 protoclorofílido reductasa putativa

planta B

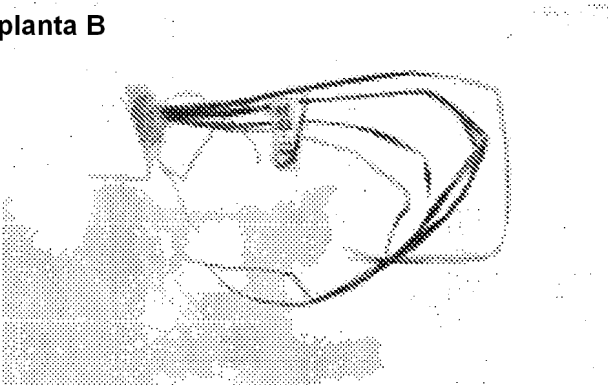


FIGURA 16

PRO0133 quitinasa Cht-3

planta B

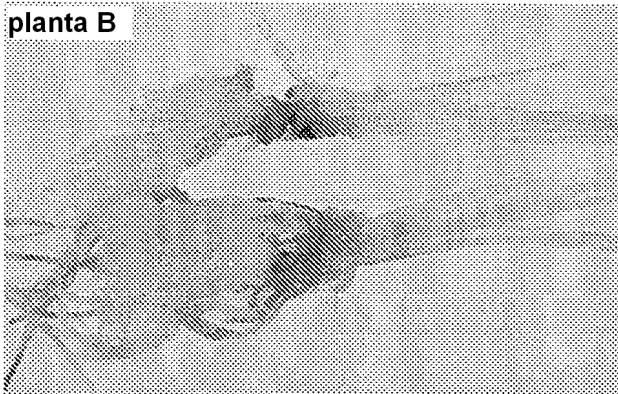
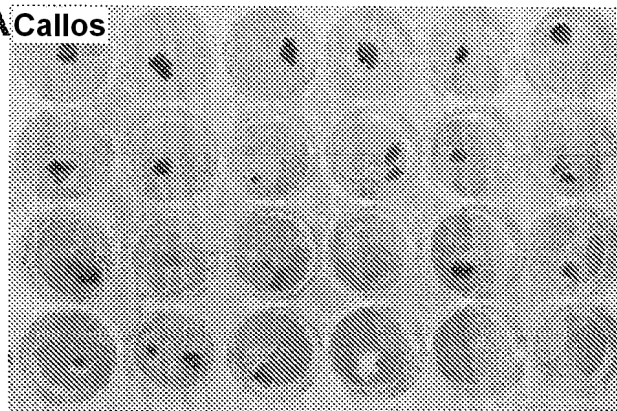


FIGURA 17

PRO0151 WSI18

A Callos



B Semilla

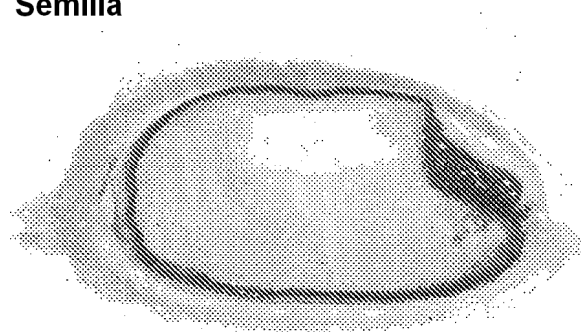


FIGURA 18

PRO0169 acuaporina

planta C

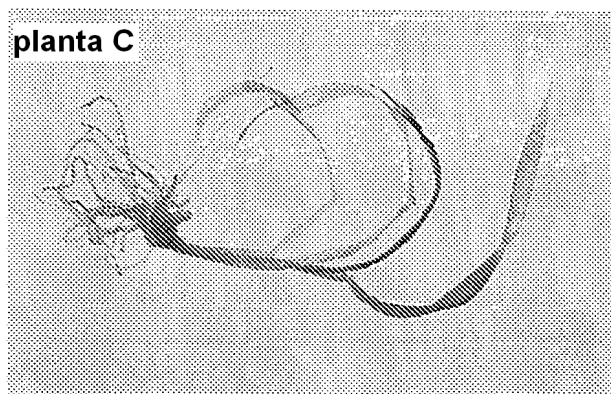
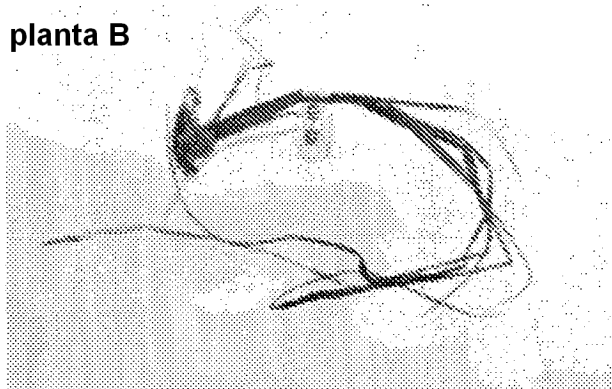


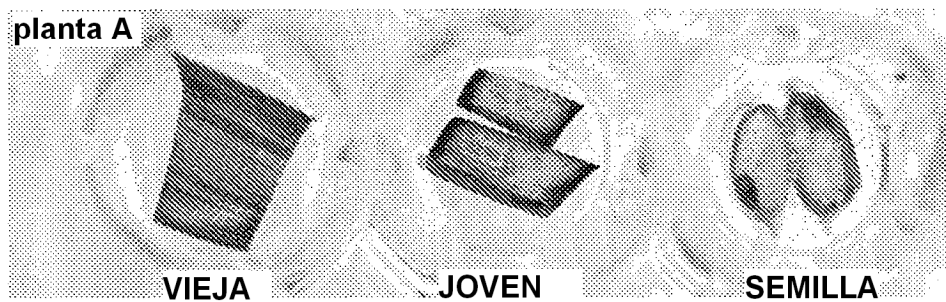
FIGURA 19

PRO0170 proteína del grupo de alta movilidad

A planta B



B planta A



C Callos

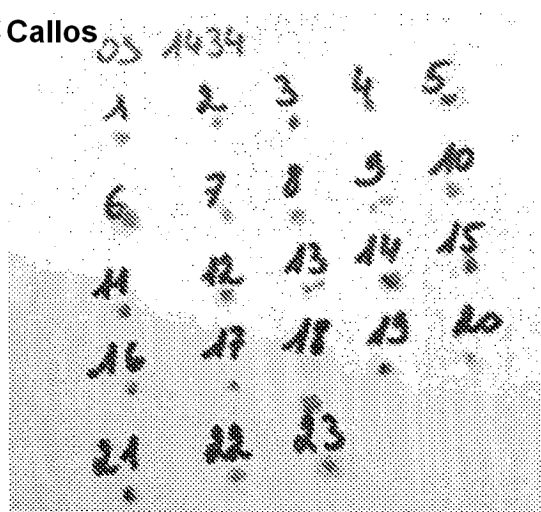


FIGURA 20

PRO0171 proteína RGP1 glicosilada en forma reversible

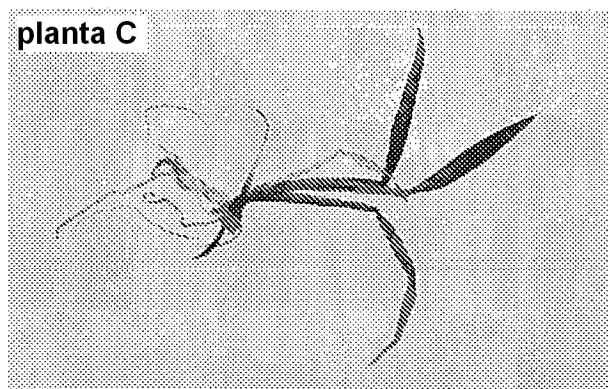


FIGURA 21

PRO0173 MDH citosólico

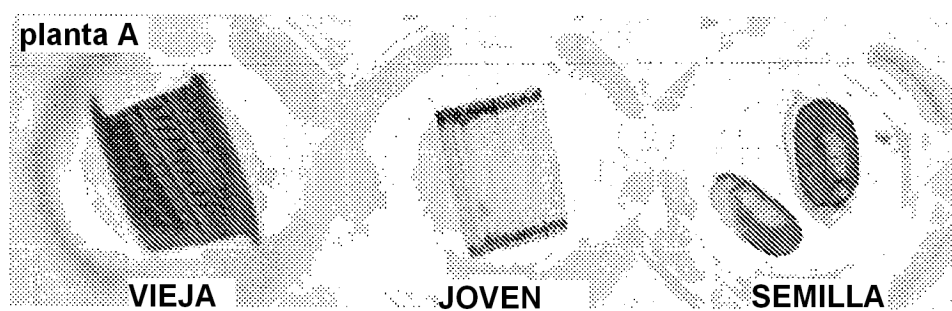
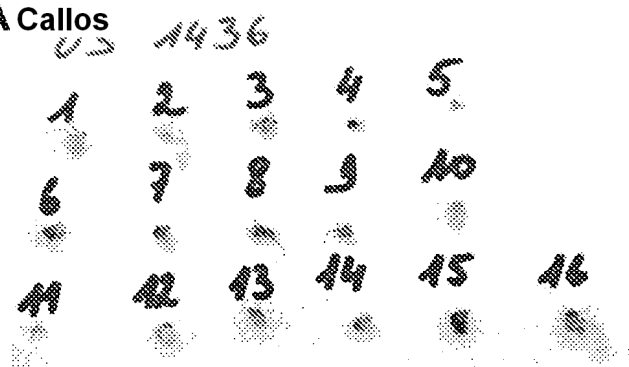


FIGURA 22

PRO0175 RAB21

A Callos



B Semilla

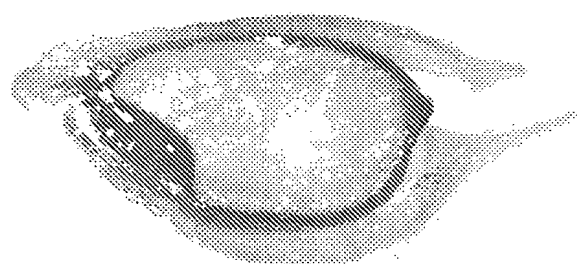


FIGURA 23

PRO0177 Cdc2-1

planta C

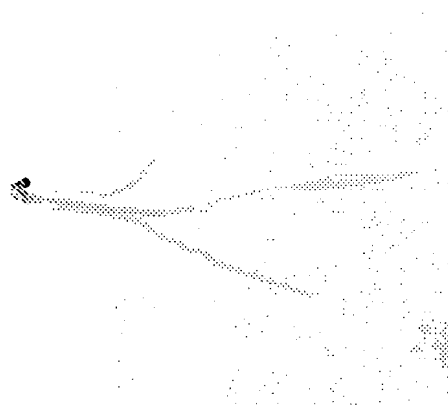


FIGURA 24