



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS
ESPAÑA



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

⑯ Int. Cl.:
C12N 15/82
(2006.01)

⑫

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- ⑯ Número de solicitud europea: **09175946 .4**
⑯ Fecha de presentación: **04.02.2004**
⑯ Número de publicación de la solicitud: **2180055**
⑯ Fecha de publicación de la solicitud: **28.04.2010**

⑭

Título: **PROMOTORES DE ARROZ.**

⑯

Prioridad:
04.02.2003 EP 03075331

⑬

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

⑮

Fecha de publicación de la mención BOPI:
07.03.2012

⑯

Inventor/es:
Broekaert, Willem y
Hatzfeld, Yves

⑯

Fecha de la publicación del folleto de la patente:
07.03.2012

⑯

Agente/Representante:
Carvajal y Urquijo, Isabel

ES 2 375 923 T3

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

DESCRIPCIÓN

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, cassetes 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

5 métodos para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico y con métodos para la producción de plantas transgénicas.

10 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'.

15 20 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.

25 30 Por lo tanto, la presente invención provee

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

35 (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

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

(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

45 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 útiles en los métodos de la presente invención. Tales variantes y fragmentos incluyen:

- 10 (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.

25 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.

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://www.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.

40 50 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.

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 silíceo (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 intervintiente. Por ejemplo, ácidos nucleicos como los presentados en la SEQ ID NO. 14 pueden ser interrumpidos por una secuencia intervintiente. Con "secuencias intervintientes" se entiende cualquier ácido nucleico o nucleótido, que interrumpe otra secuencia. Los ejemplos de secuencias intervintientes 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 intervintiente 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

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

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 intervintiente, 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 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 glutationa S-transferasa, proteína A, proteína de enlazamiento de maltosa, deshidrofolato reductasa, epítopo de Tag•100, epítopo de c-myc, epítopo de FLAG[®], lacZ, CMP (péptido de enlazamiento de calmodulina), epítopo de HA, epítopo de proteína C y epítopo 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 del arranque del inicio de la transcripción, pero alternativamente pueden ser de cualquier parte en la secuencia del promotor.

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

5 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.

10 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.

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

20 "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.

25 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.

30 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.

35 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.

40 45 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.

50 55 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 transcriptos hasta aproximadamente 1/100000

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

- 5 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 químico 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.
- 10 15 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
- 20 (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.

- 25 30 35 40 45 50 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 las secuencias 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.

- 45 50 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.

5 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.

10 15 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.

20 25 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.

30 35 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).

40 45 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 fosfotransferasa, y el gen de la cloranfenicol acetyltransferasa (CAT), entre otros.

50 55 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., 1882, Nature 296, 72 - 74; Negrutiu 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, plants 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 gymnorhiza*, *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 squarrosa*, *Diheteropogon amplectens*, *Dioclea* spp., *Dolichos* spp., *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehrertia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrestis* 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., *Hemarthria altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hyperthelia dissoluta*, *Indigo incamata*, *Iris* spp., *Leptarrhena pyrolifolia*, *Lespediza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotus* spp., *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*, *Polygonarthria fleckii*, *Polygonarthria squaffosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes* spp., *Robinia pseudoacacia*, *Rosa* spp., *Rubus* spp., *Salix* spp., *Schyzachyrium sanguineum*, *Sciadopitys verticillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorghum bicolor*, *Spinacia* spp., *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthus humilis*, *Tadehagi* spp., *Taxodium distichum*, *Themedia 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.

25 30 35 40 45 50 55

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 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 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 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 (prolамиna RP5, SEQ ID NO 8). La coloración de GUS es visible en semillas (A), particularmente en el endospermo, y en meristemo (B).

- 30 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 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.

- 40 40 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.

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).

- 45 45 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.

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.

10 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.

15 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 45 El costo para extender una brecha = 2, q La penalización por una falta de correspondencia en la porción desechara del proceso = -3, r Recompensa por una coincidencia en la porción desechara 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 Cónigo 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

5 secuencia arriba del codón de iniciación de la traducción (es decir el primer ATG), cuyo codón fue excluido. Cuando estaba presente una secuencia interviniante 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 interviniante. 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 promotoras aislada. Estos iniciadores específicos son representados aquí como las SEQ ID NO 58 y 80 y están

10 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).

15 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

20 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 TM (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 cassetes 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.

5 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

tcgacgctac	tcaagtggtg	ggaggccacc	gcatgttcca	acgaagcgcc	aaagaaagcc	60
ttgcagactc	taatgctatt	agtcgcctag	gatatttgg	atgaaaggaa	ccgcagagtt	120
tttcagcacc	aagagcttcc	ggtggctagt	ctgatagcc	aaattaagga	ggatgcca	180
acatgggtct	tggcgggcgc	gaaacacctt	gataggtgg	ttaccttta	acatgttcgg	240
gccaaaggcc	ttgagacggt	aaagtttct	atttgcgtt	gcatgtac	aattttattc	300
ctctattcaa	tgaaattgg	ggctcaactgg	ttcattaaaa	aaaaaagaat	ctagcctgtt	360
cgggaagaag	aggattttgt	tcgtgagaga	gagagagaga	gagagagaga	gagagagaga	420
gaaggaggag	gaggatttcc	aggcttcgca	ttgcccacc	tctgcttctg	ttggcccaag	480
aagaatccca	ggcgcccatt	ggctggcagt	ttaccacgg	cctacctagc	ctaccttagc	540
tatctaagcg	ggccgaccta	gtagccacgt	gcctagtgt	gattaaagtt	gccggccag	600
caggaagcc	cgctgcaatg	gcatttccc	ctgtccttcg	cgtacgtgaa	aacaacccca	660
ggtaagctt	aatcttctt	gcccgttgg	ctgggacacc	caccaatccc	accatgcccc	720
gatattcc	cggctctcggt	tcatgtgatg	tcctcttctt	tgtgatcacg	gagcaagcat	780
tcttaaacgg	caaaagaaaa	tcaccaactt	gctcacgcag	tcacgctgca	ccgcgcgaag	840
cgacgcccga	taggccaaga	tcgcgagata	aaataacaac	caatgatcat	aaggaaacaa	900
gcccgcgt	tgtcgtgtc	agcaatctt	gtcatttgcg	ggatcgagt	cttcacagct	960
aaccaaatat	tcggccgt	attnaacaca	ttatcagcgt	agatgtacgt	acgatttgg	1020
aattaatcta	cgagccttgc	tagggcaggt	gttctgccag	ccaatccaga	tcgcctcgt	1080
atgcacgctc	acatgatggc	aggcagggt	tcacatgagc	tctaaacggc	gattaattaa	1140
tcccggggct	cgactataaa	tacccctta	atcccatgt	caaaaccatc	tcaagcagcc	1200
taatcatctc	cagctgatca	agagcttta	attagctac	tagtattag	ctgcgttgt	1260
gatc						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 aacaaaata gaccctctcc cagaatttgt 60

aatggctt	gtggttcg	atactactga	acctgctgg	tgaataaa	aaaaaaa	120
acccataaa	tggcctc	caagatctg	tcgtcttgc	caaactata	g cttcgatct	180
ttccatcagg	accgcatt	gggagagc	gggcaagtat	gaaatggagt	tca	240
attctagaac	agtctgaaca	tgcgacgac	acgatggc	tgtatctgaa	caatctggc	300
ctctccctct	cctccccc	gggcttcc	gcccgtg	ttcaggctc	caatctgc	360
ctcctccca	aaccttact	tgattgatt	tttcatcg	tccatggct	caatgaatgc	420
aacgttgt	tca	gat	tgt	tctcaatcc	gagta	480
gcaatctgtc	cctgatctg	gaattt	actcgt	ttcgtg	aatcattcc	540
tcccttcgag	tggtctagat	tgagctta	atcctg	ctcgaatcaa	atcttcag	600
agtgagagct	agataattca	gaagaaatca	acatattctt	cgcgaaaa	agaaataacc	660
gatgaaacca	cggtaatt	gttctcg	aa	tcaccggg	agtaggaaa	720
aatcccacat	aggaggaaac	ggtaaaaac	ggccactcc	cgtctccg	gcgagactag	780
ctctcgccag	tccacgt	ccaatccaca	accggcac	gctccg	acaa	840
ccatcgccgc	ggccccgg	tcatctcg	cactcg	ctccctt	accaggcc	900
tggca	ctc	tcgagag	ccgccc	atataaactt	gttcg	960
cctcatcgac	ctccacccca	cattgaataa	ttat	tttagt	ttttttt	1020
gctttagata	tattccaa	ccccaa	cctc	ccaataatcc	gatctct	1080
ggatcaaggc	tgtgtcgatc	gcaaaaaa	aga	aaaaaaaac	aattcctt	1140
catctgttga	tcacttctt	gttccc	cg	ttttgtt	ggggtgg	1200
atttctaca	cgacc					1215

<210> 3

<211> 1038

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PR00009 - celulosa sintasa putativa

<400> 3

gccatcgagt	ggtgtgcc	taccggcg	tgttctt	acgc	ctcag	60
tccgaggcaa	ttttccgac	ctattgtt	gtt	ttcc	ctgatag	120
atacaaagat	gttggagg	ttgtac	cc	ttt	atcgat	180
tcaagaggag	ccatggcatt	gcgat	ctg	tacacgg	atttact	240
actacttacc	cttttaat	caagcat	ccat	tgctt	ttctca	300
cgtactgaaa	acgtgaaaca	taaaaaaa	aaaaaaat	ct	agctgat	360
gcctcgagtc	tagttgt	tagatgg	cta	ctgat	atg	420
gaaccgagaa	agagtgt	tgtgtgt	tcggcgt	gtc	acaccag	480
aatcgcaat	cgtttaac	ccagcat	cg	tttcat	ctca	540
ggccttc	ctaccgt	ccatttata	acgc	atgc	tttgc	600
atggccc	tctcccc	gcaccat	acc	acgc	tcacc	660
ccacccacca	aacacat	cgtcc	tttgc	ttc	cgat	720
ctacgacccc	tccaacacat	ttccctcg	tc	tc	actc	780
cgttccagca	gcagcag	cggcag	gg	ttcg	tc	840
gcgcgcgg	gcgtgcgt	gtgc	tt	gcgt	atca	900
ctcacgg	gtgcgg	ccac	cc	tacc	accgg	960
tcata	actat	cac	cc	cc	cc	1020
gctgctat	acta	gct	cc	cc	cc	1038
gttcccc	ccac	tc	cc	cc	cc	

<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 ggccttaaaa cgctttaagg ttactggatg 60
 atcatatcg cgtaagaccc gtttaaacat gtttcgcctt tgtaatcca atgtgagtca 120
 cgacgtgaca catggcacgt cttggagct ttagacatat cgaatctgag cactggatg 180
 gccgagtggg tgagcggcca aatccgtttt agacagatcg cactgacacg atgttgcata 240
 ttgatactaa taccatttta tcaagcagta gtgtgaaaa aaaaacttat gttctttca 300
 actgtgagat ttcatccgt ttcaagatga acaagccatg catgtgagat gtgaacagaa 360
 ggcagaagac agtggaaaga caggacaaat aagtgaagag ggatcaaatac aatgggcctg 420
 acggtttctg aaagttgaca tggaaatcgc cggtgatcac cggtttatac gttattttaa 480
 tctgcgattt ccacttcgt ttgcgggatcgg gtttccaaatt tgagtccacgc acatattctt 540
 catcgtgctt tggatctcag caccgttagta acttttggac aaattgcatt cgccgacact 600
 aataacatgt tctttttatg ctgcatttaca tatactgctt atccacaccc aatccatgt 660
 tcataatatta tgagatggag ggagtaaact ttgttaacag caacattttt tatattaaag 720
 catcaactaa ttaaagcaca agatacgcattt gttatctcaa taaatctcc agtgcattgt 780
 taaagaagat gtcgccccta acttagataa tttttgtgac ttttgcatttgc gccggcataa 840
 ttaattcttc cgaaaattaa aagctagttt ttccatattt atcagttacag acaagacagc 900
 atagtaagcg aagcatacct gacgtgttag ctcattgtaa ctcgcatttttgc aacactcgat 960
 gctagataca gacagacact cctcgttagt aacgttagca tttagcaaca tacgggtata 1020
 aaggcactgg ggatcgatcc atccatccat cgtctttaca cgtacttacc ttgctaaaccg 1080
 cactgtcgac tcttgcattt ttgcatttgc tccaaatggc cccacgtgg aacatgctca 1140
 cagtgcattt cagctgcattt ccaaaatgtt ttctttcact tcttccattt cttgtccac 1200
 aaaaaaaaaaagta gtgtgttctt gagcctatata aagagagggt cacacgctcc agtgcactca 1260
 10 ccatcgatcc atctgacggt tagttccaag ggaaagaaga a 1301

<210> 5

<211> 1243

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> característica nueva

<223> PR00061 - beta-expansina EXPB9

<400> 5

aaaaccaccg	agggacctga	tctgcaccgg	ttttgatagt	tgagggaccc	gttgtgtctg	60
gttttccgat	cgagggacga	aaatcggtt	cggtgtaaag	ttaagggacc	tcagatgaac	120
ttattccgga	gcatgattgg	gaagggagga	cataaggccc	atgtcgcatg	tgtttggacg	180
gtccagatct	ccagatcaact	cagcaggatc	ggccgcgttc	gcgttagcacc	cgcggttga	240
ttcggcttcc	cgcaaggcgg	cggccgggtgg	ccgtgccgccc	gtagcttccg	ccggaagcga	300
gcacgcccggc	gccgcccggacc	cggctctgcg	tttgcaccgc	cttgcacgcg	atacatcggg	360
atagatagct	actactctct	ccgtttcaca	atgttaaatca	ttctactatt	ttccacattc	420
atattgtatgt	taatgaatat	agacatataat	atctatttag	attcattaac	atcaatatga	480
atgttaggaaa	tgctagaatg	acttacattg	tgaatttgta	aatggacgaa	gtacctacga	540
tggatggatg	caggatcatg	aaagaattaa	tgcaagatcg	tatctgccgc	atgcaaaatc	600
ttactaattg	cgctgcatat	atgcatacgaca	gcctgcattgc	ggcggtgtaa	gcgtgttcat	660
ccatttagaa	gtaaccttgt	cattacttat	accagacta	catactataat	agtatttgatt	720
tcatgagcaa	atctacaaaaa	ctggaaagca	ataaggaata	cgggacttgg	aaagactcaa	780
cattaatcac	caaataatttc	gccttctcca	gcagaatata	tatctctcca	tcttgatcac	840
tgtacacact	gacagtgtac	gcataaacgc	agcagccagc	ttaactgtcg	tctcaccgtc	900
gcacactggc	cttccatctc	aggctagctt	tctcagccac	ccatcgtaca	tgtcaactcg	960
gcccgcgcac	aggcacaaat	tacgatcataa	acgcatgacc	aaatcaaaac	caccggagaa	1020
gaatcgctcc	cgcgcgcggc	ggcgccgcgc	acgtacgaat	gcacgcacgc	acgcccacc	1080
ccacgacacg	atcgcgcgcg	acgcccggcga	caccggccat	ccacccgcgc	cctcacctcg	1140
ccgactataa	atacgttaggc	atctgcttga	tcttgtcatc	catctcacca	ccaaaaaaaaa	1200
aggaaaaaaaaa	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	gacagggtgt	ctcttagatc	gattaataat	atcacattga	60
tgcaattaaat	tatctgagat	caataaagtt	tttctttatg	ttaaattaaat	atcagaataa	120
gatgctaagt	ccttcattag	tagtatccc	catttaatca	cagttggaca	cacaaaaaaaaa	180
aaggcaatgc	cattaatatg	ccatctctct	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	aatagcttagc	tcttgtatga	gagccaatcc	tctgcatttt	ttaaattctc	480
tttcctccac	ataagcatat	agttggctta	tagcctgcta	ttatacttgg	tcttagtaca	540
ctaacccccc	ttacatgcaa	tgcaagctgt	ctaattaaaa	gggtttcaca	acattttgaa	600
tgccactact	agctccaaac	cacaaccaca	gatctagcta	gggtttgttc	atttctctcc	660
tctctcctcc	tcctccttcc	cgttgtgcca	attcatccaa	agtcatttgcg	agccatacta	720
ctccatatac	tattactctt	acatgtgtac	tacatttata	ttgatgtatc	gtaagagcaa	780
aagtattaaat	ggggatcaca	ggattgcagt	aacagcagca	ggtacccct	cctttaacat	840
ccgcagttac	gcctcccacc	taccgttcc	tctgccgatc	gatgacgatg	agtttctcc	900
ccgctataaa	tcctctcccc	tcctctctcc	tcctccctcc	aactccacat	cgatcagcag	960
cagcagcagc	ttgcacacac	gagcttagct	tagtttgc	aagagagatc	gagctagag	1019

<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	tccacaaccc	atagtttctt	60
aaagtgggtc	attaataaaat	acatcatcta	tctttctat	caatcatatt	tattctttat	120
ctattatgac	ggcacttattt	tctcccaatg	taaaacttga	taatgtctag	tgcataaggtt	180
ctcgtgttga	agctgtttct	tacatgagac	ccagtttctt	cttctctcca	ctctctctta	240
attaatataa	tgtcacataa	gttaaaagtt	ctagtaaata	ataatatagt	taatgacata	300
gacaacatcc	tagatgttagg	gttaggagtc	ttcggacagt	agcaaccctg	ttttgactcc	360
ttttttggct	gcccatccac	agtcgccacc	agaaaattca	ctgtgcccua	atcaatggaa	420
gcccctacta	gatccatcca	tcttcgtgac	agctccgagc	tttctcctgg	ttattttct	480
cccaaaaata	cattcagaac	acgatctcaa	atttaaacta	atggagtgt	actgcatttc	540
ttaattataa	gtcgcagcac	cactcattaa	tcatttccat	cacaggtaaa	tcgtggtgag	600
ctgggtggtg	ctactgtact	actagttacta	cctgtcgac	ctttgtagaa	gccgtttcg	660
ctgaagcttc	ttcttcttcc	ctggggaaaaa	taattttaag	caggcggaat	aatattggga	720
taaacaggg	ggacaaaagc	gtgcgatccc	tttctttaac	caaaccacga	cgaaagcagg	780
ttaggtcg	gcaggtggtg	gtggtaggaa	gaagaagaaa	gagaggggaa	aaaaaaacaaa	840
aatttcacat	gcatcatgca	tgaagtagta	catgttagtac	tgagtactgt	aataatgttc	900
agtttactgg	accgtctcaa	cgggaagacc	aaattaacgc	ttataaaaata	ccctttttt	960
gggcactgat	catggccact	acgttggtg	gctcaacaac	caggtcacccg	tgcgatcgat	1020
cgattgctaa	tttattttt	gaaaaggaag	ggagggaaaaa	agaccgggtg	tttggtgccg	1080
ccaccaaccc	tgctctcg	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

gtttttctat	gaaccggtca	ttaaaccgtc	cccggttaga	ccgaacaagg	cacaataatc	60
ttgaaatgg	ccttgatgtg	gcccaattgg	tctgcctaga	gcgtttgg	tggcaaaaat	120
caatctccta	ttctcggcac	gtgtgatata	caatggtaag	ttagatatac	aattctcgac	180
acggctacat	tacaagggtgt	cgcattgtgt	caatgtttgg	ttaatttgct	agattcacat	240
aatacatgcc	aggaagttca	gaacaatgtg	ttgccttca	ccggaaaaact	ttgttgagc	300
aaatgccttc	ttcttttttg	cttctgcttc	ttgagtcctat	gtggaggaag	cagtagatag	360
ctgatgat	caggattcct	tctgtgtctg	tgttaggtgt	gcaacaccac	tataattttt	420
attagcaac	acaatataaa	tttggcttat	aaaagtatga	attaaatcaa	tccccaacca	480
caatttagat	aagttggtga	gttattgtaa	agctctgca	agtaattta	aaagtattg	540
cattaactt	tttcgttatca	caaacaagtt	ttcacaagag	tattaatgga	acaatgaaaa	600
ccattgaaca	tactataatt	ttttttctta	ctgaaattat	ataattcaa	gagcataaaac	660
ccacacagtc	gtaaagttcc	acgtgttagt	cattatcaa	ataatagctt	acaaaacata	720
acaaacttag	tttcaaaaagt	tgcaatcctt	atcacattga	cacataaagt	gagcgtatgag	780
tcatgtcatt	atttttttgc	tcaccatcat	gtatatatga	tggcataaaa	agttactttg	840
atgatgat	caaagaacat	ttttaggtgc	acctaacaga	atatccaaat	aatatgactc	900
acttagatcc	taatatacg	tcaagcaaaa	ctaacactct	aaagcaaccg	ataggaaac	960
atctataat	agacaagcat	aatgaaaaacc	ctcctcatcc	ttcacacaat	tcaaacattt	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	tggtccatga	aattatcctt	tcttgatttgc	gcctcccgag	aatagattcc	120
tgtcaatct	agtcagtagt	tgttcaggc	atgtaaacgt	acgtaagaa	atttatgtgc	180
agagggtttt	ccagtttatac	ctatgcattt	gacctctgg	catgtattga	ttctgagaca	240
aagtgttagt	atcgcttgc	gatactagta	cacattgctg	ccttcttttt	tgtcctgtaa	300
aagattttatt	attggcagca	atggatggta	gagagggcaa	tctgcttctt	agttttgagt	360
ataaaagttt	aagtttgc	cagagttcg	aaaatttgc	gtagaaagtt	tgaaatttca	420
aatttggaaat	acagttttc	aaatttccag	tataaatttt	taaaccact	gagaaaccaa	480
gagcatatgg	gcgtcaaaa	atttcttttc	taaaggaaaa	atattttta	aaaaacactt	540
agtagtat	caaatttctg	aggtaagctc	attaggccca	ttcactgtac	ggcccatgaa	600
gccccatctg	gtgagatggg	cctaccctgt	caggcagaga	tggatgggca	tttaattgt	660
ggcccatgtt	ggaaagccca	ccaaagccca	ataatatac	ctcctcacct	tcaaccctaa	720
tcctcctctt	cttctagaag	actgaaaattt	cctctccctt	cttctctcg	cctcaccgct	780
cggcgaggtt	gccgtctcct	tgtctcctcc	gctccttgcg	ccggccgcgc	gacgagtcgc	840
ggggaggggc	ggcgatctcc	atctccatct	gaggcggagga	gagcagggga	ggtgagggga	900
tcctgggtgag	gtgagcatcc	acgtcccttt	tctttttttc	tgattcatct	ctctctct	960
cgcacatcg	gactggaaatt	tgcttgcgtt	cgttcgtaa	gttaacccta	gcttctcttc	1020
tagatctg	agaaactctt	cttcttttaa	tttcagagcc	ttaacctaa	tagtacaagt	1080
aacagtttgc	aaaagtttgg	atgccttcca	aatagagaca	catgttattt		1140
attttggaaat	gtaatttgc	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

tcgttaagg	tttgcaccc	ttgtcacca	gcggcttag	gtaccatgc	60
tgtatcacct	ccacaaagaa	atggtaacgt	acatctccgt	cccaaaataa	120
gtatatatccat	gcctaacgtt	tgaccgtccg	tcttatttaa	aaaaattatg	180
aaatatttag	tcacacataa	agtattattc	atgttttac	atctaatacg	240
actaatcata	aaatttttt	taataagata	aacggtaaa	cgttgaacgt	300
aaacttattt	tagaacggag	ggagtagcga	gtaactccgg	aactacat	360
ttgccttatg	tatgcatata	gtcaatcaat	taactgctga	caatggaaaa	420
caatcaatgg	tttgattaaat	caaattaagc	caggtcagtc	cgtcagtgt	480
ttaaattaaac	aggtttgttc	aacggttcaa	ccaacatctg	ccatcaacat	540
cacctttctt	gactctttat	gctatttgc	taaaaaaaaaa	cttctcttta	600
aacaatatat	atttctgctt	taatttgtaa	tctttttttt	ctgcgttgca	660
cgagcgataat	atggtgaaga	ctgatgataa	tcgttattct	gatgaccat	720
tgtaccatct	gttctgtcaa	ctaaaaagt	gagtagttcc	ttgacggaag	780
aatagaagat	attctcagtt	gatctgcagt	tgttgttagg	aaaggagcaa	840
agttgctgtt	gtttaaattg	tgtgtacag	cagacagcta	tcactatatt	900
agcaataacta	gtgaatctgt	actaattaa	cgagagtatt	cagaaatcgc	960
gcaaaactgt	gccactggcg	ccgaatacgt	acggacagag	ttctatatac	1020
gcaaaagagg	agagagttgg	tgccaagcac	aactaaaccc	aaatacaaca	1080
cagcatttca	gttcgcttta	gttagtacta	ccacctgcat	acactatata	1140
acccgcagt	gacctgcagt	catctacta	attcagtgaa	gccaccagta	1200
tctaattcagt	tcgcgttgc	taattaactc	ctagtacggc		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

ctaaggcgag cagccattgg gctctatagg tttgggttgc aatgcactta caagcgac	60
acctggtaga atatccccga gatcagtagt taccgtgatt gggtcagact tgagaggcta	120
atttttcgat acctgttagt ttattacatc gcatttcctc ttattgaagt ttagccgagg	180
ttggtgcggat ggttatttcag tctaacagac tcaatgaacg ctttgggttgc tgacttgtac	240
agtactggct gctcgaacag gatgggtcag cttccagaaa tttggcaacg ctccattca	300
aagaaaatca ttcagtattt gccttcttgc ttgttacattt atctcatata aagtcaattt	360
gatcggttgc acatcttttt ttgggttgc ttggcatggta gttcccttg ctgctggag	420
gattgccccc tgaactttt ctttttgcg aggtgttat ttggccaga caagaacggg	480
aataagcaaa ttgtttggtg gaactaaagt aaactcgatc tcttccgag aagtgttata	540
ttttcacgtg taccatcaat tttttgaaa gtaaatattt ttcccctta actaatgttc	600
actttggacc ggataatctt acctttattt aactttggc tatctaactc tcttctaaag	660
catataaaacg atcttggatc catcgattcc tacttatcat ttaactctcg tagcttaatg	720
taagattatt tcttggaaat atgataaattt ggatgcataat gaatgaaaga gtcaaggatt	780
aagtgattcc tcaaaaaaaaaaaa aaaagagtga aatttattt ttttccct ttcgacacga	840
agaaggcgtt gggtggagga aaatggccca gattcagatg accgaggccg agtaccatgg	900
ggccccacaag aataataagc cccgagccca aacgctaagg cccacgagaa gccgtgcgt	960
ggaagaaaga aagaaaaccgc ggcgttcc acaccgaagc ggccggacgag acgactcgca	1020
gtcgccgcct ctttccctctt ccgtctctctt ctccctctt cctctccctcc ggcggcgaa	1080
cgaagcgagc gagccggccgc	1100

<210> 12

<211> 1216

5 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> PRO0117 - proteína ribosomal 40S putativa

10 <400> 12

cgtgttcatg	ttcgcattta	ggattggact	tttttaggat	ggagaggata	tgtcctaacg	60
gaardgtcat	gtctatgctc	cgatcttata	aatttgtca	atagcgttgc	aaacgcgatc	120
attaaaaagg	cggtaagaga	actaccacat	tttcgaaagc	ccattcttctt	cgtgagttac	180
tggattatt	tggcatagca	catgcataaa	gatgctttag	taatgagctc	aataaaacac	240
gacagcttg	catgtagcca	caatgctata	gtaaatgagt	tgtacttctt	ttgcattgca	300
aagtggtaact	gaccttgttt	aggcagctag	cttcattcat	tttttgaatt	ctatagttat	360
agttataaag	attatcataa	tttagataag	aatccggat	gtttgagaag	ctggagttc	420
tagagaagct	ataacaactc	gaagctccct	aaacagagcc	attgaacatt	gagctgtcca	480
gtatatcatg	acaaaaatgt	acatttgca	tggcatatg	tgtctaagaa	aacaaacatc	540
acaattcaat	gagtcactct	aaaaaaaaag	gcaaaaacact	caacaaaacc	ataccgtgaa	600
agtgaaccta	taatgaaatg	aaattttgat	aagcatgctt	acccaggtgg	aaatttcaat	660
ctaagaacaa	tttccaaaac	caccgtccat	agaaaatatgt	ggaattcatt	cagaattttc	720
ataccacacg	ataaaaattt	taggaaattt	aacttttgcc	atttttaccg	aacaccacct	780
tttcatttgc	tcctataatg	ttatcgaaaa	gagagtgttt	gttaattatt	tgtcaacttt	840
atcacgacat	gtagccgtga	caacgtggcg	ttcctcggtg	agcccacccg	tcagccggcg	900
tacgcaccac	catcaaagaa	ttcaagacgg	agagcgtcgt	cgcgtcggc	aaggcggcgt	960
gttttggta	ctgtacgtt	tttcggcgtg	ggcccaatct	tgttccggcc	taactagttc	1020
ttcccagccc	aggcccatta	agcctaccaa	ccggacggc	ccgggaggag	ctagggtttc	1080
acccttcact	atataaacct	ctctctcc	ctccggccgc	cgcctccgaa	gccctagctc	1140
ctcccgccgc	cggccggcc	cctctccact	cgagagaccc	agccgcccgc	1200	
ccggccgccc	ccgcca					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	gctccacacc	atgctccacc	ggctggccaa	60
ccaatgtatt	tcccgaaata	atctatctt	atccgatgt	caagcaatta	gagcaattgc	120
aaatgttgcc	tgcaataactc	gggtctgggt	atcttcttctt	caaattttgg	gttgttaactc	180
gtctatgcag	ctattcatat	tgttaactcag	tgagctccct	gtcgccaaatg	tgcctctgcg	240
tcagtcgtg	tctgtaaact	gtccggcaat	tagaaattcc	catccttagc	atgcctgtgt	300
ttgttcagct	cgaaactgaa	attttcttc	gtgccttata	ttttttcggt	gtagataagt	360
gttccgctgg	aattttatgc	aggtgctgta	ccctatgtgc	tgctttttt	ttgtgtgggg	420
cggggggggg	gggggggggg	ggggtttcc	ggcatgattt	caaataagaa	ccccggggca	480
aatctgctgg	ttgttgcaa	ataataaccc	ctccaaatct	gcgcagatga	aaccccatc	540
aggacatgaa	ttacgattgt	tcatgagct	tttggatcat	ggaaagattt	gaaacaaaca	600
cttacgtcaa	ggtttctact	aattacgtg	ttccgatttc	agagtcagcc	atggctatac	660
tgcctttgct	ccagtaaaca	tgcgtgtct	agtaacaaac	attgcagtaa	acatcacaaac	720
tatccaattt	ccttggtgct	gctctagtaa	aaaacattgc	aattatccaa	ttcccgagata	780
ttttcttca	ctactccaaa	acctaaagta	catatacgt	agttgagtga	tccagcaaca	840

taaaaatccg	aggctccgag	cgatctgcac	caaccatctc	accgcgtccga	cgtggcagca	900
gcaaccagcc	acagctgaga	cctccatcca	atagaaaccc	tccctttgat	tcccccgtat	960
cccgcatcc	ggataacgct	ggataagagg	cgacgcctcc	cattggccac	acccacccaa	1020
caacgcatcc	tggccgtccg	atccacccccc	accgcccgtac	tccgcgtcc	gtcgccgccc	1080
tcgcccacgt	ggccacctgg	cagcgcggc	cactcccgga	cagtttaata	caagccacgc	1140
ctttgctccg	tgccggccaa	aacgtaccct	tgtgactaca	cccgcttcgc	ttcctccct	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	agatttagaaa	tagttcgta	ctacctgcaa	180
gttgcaactt	gaaaagtgaa	atttggcct	tgctaataata	ttggcgtgta	attcttttat	240
gcgttagcgt	aaaaagttga	aatttgggtc	aagttactgg	tcaagatcac	cagtaactgg	300
ttaaagttga	aagatggtct	tttagtaatg	gagggagttac	tacactatcc	tcaagttgtt	360
taaatcttat	tccgtcggtg	gtgatttcgt	caatctccca	acttagttt	tcaatataatt	420
cataggatag	agtgtgcata	tgtgtttta	tagggatgag	tctacgcgac	ttatgaacac	480
ctacttttgt	actgtatttg	tcaatgaaaa	gaaaatctta	ccaatgctgc	gatgctgaca	540
ccaagaagag	gcgtatggaaa	gtgcaacgga	tatcggtcc	cgtcggttc	caagtcagca	600
cagacccaaat	gggcctttcc	tacgtgtctc	ggccacagcc	agtcgtttac	cgcacgttca	660
catgggcacg	aactcgctc	atcttcccac	gcaaaacgac	agatctgccc	tatctggtcc	720
cacccatca	tggcccacac	ctcccatgct	gcattatttg	cgactccat	cccgctcc	780
acgccccaaac	accgcacacg	ggtcgcgata	gccacgaccc	aatcacacaa	cgcacgtca	840
ccatatgtta	cgggcagcca	tgcgcagaag	atcccgcgac	gtcgctgtcc	cccggttcgg	900
ttacgaaaaaa	atatcccacc	acgtgtcgct	ttcacaggac	aatatctcga	aggaaaaaaa	960
tcgttagcgaa	aaatccgagg	cacgagctgc	gattggctgg	gagggcgtcca	gcgtggtggg	1020
gggcccaccc	ccttatacctt	agcccggtggc	gctcctcgct	cctcggtcc	gtgtataaat	1080
accctccgga	actcaacttt	gctggtcacc	aacacgaac	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

tttggcgcgg	ggcagaagag	tggactttaa	ctttcttttt	aataaaatct	ccaattaata	60
tgttaattata	atatactttt	aatcaaaaaca	tgcaaagcta	gcagtattta	catcaactaga	120
agtaaatctt	tcttgctcat	gatgcttcag	ccggacggaa	ccctaaaata	tagatggggc	180
ggatacactc	gattaaaaca	gctaattgca	acacatatca	tataagggtt	tggaattcat	240
acccaaatgct	ccgaaattcg	tctatttcga	tgaggcccaa	gacatgacct	cctgtttcgc	300
ccatagtttta	tggtgtttgg	taaaatttgg	ttaaaatctg	tctattttag	taggtcccgaa	360
aattctttag	caattgaatc	ctagaaccct	atcatattta	tattgcaatt	gcacaaaaat	420
aatgtcaat	caatatatttc	caattgcaat	acatatcaag	catgagggtgt	aatacatatc	480
cagccgctag	cactgggtct	gtttagggtgc	ttcttgccagc	aacagctgca	atctgtttgg	540
ctaggctgtt	ggcgcagc	actgctgtcg	tgctgcaaca	atggcacatt	cgtcgagcac	600

acaaccgcgc	ctatgcacag	cgcaagctcg	ctgccttgg	ccgtggttcc	agtgttgc	660
caaggcttag	tggattgagc	gagaagacga	actgacaatg	ccaaagatgc	gatgctgc	720
gtgtggactg	cggaagatga	atcgagatca	atcaattcgt	tatgcttga	aggctggaa	780
aactgtatcg	ttggctggat	cgatggat	tactagataa	tatgcggct	aggcctagac	840
caagaaggcg	aagaggagtc	gggtcgggag	tgtggggcga	cgtaggctgt	agctggccg	900
gccccccccag	gccgcctaat	gagtgtgtcc	gccctggcc	tgacacgatg	ggttaattaaa	960
tagttatgca	tgtccctt	tgtctaaaca	atatgtataa	aattgacgat	atcttggc	1020
aaatcactgg	gcatggcaca	caggagagct	actttagcga	catgaatcta	ggcgaaaatc	1080
tattgaacca	aaaatcgact	gtaatctcat	gaaaatttgc	gtcataatta	tagcaaaatc	1140
gttggggat	tgattgcacg	agaaaaacaga	agaaggagc	taggtgat	tatattgttt	1200
tgttgcctac	ataaaatctta	aagcaatcga	atggctaaa	atttacaaga	tttttaaaga	1260
ggttttcgta	ccgtatagac	cccgccggg	tcaaacttat	ttggcgtcg	ctgggtgtt	1320
gtagcacgcc	agctccat	atgtggattg	cagctggct	atgataagtt	cggtcgatct	1380
gagatcaatc	tatcaatcgt	caacccttt	cctttgttag	cgagctagc	tgtacacatt	1440
tcaatttat	atggtgcatg	catggcatcc	acgcctccac	ggtcaacgt	gaaatatctc	1500
tggaaactta	ctttttctaa	ataactgaac	ggattggagg	caggagacaa	atttgaccaa	1560
cacaatata	ccacgacggc	tagacaatac	tagtagatgc	atgcata	ggatata	1620
gtacttgtt	atcggtggaaa	ctttggtaat	gcgaatgc	ttcaattcgt	tgctgaagat	1680
cgtatgcacca	tgcataatcca	tctctatata	aagccatgc	atcccaccga	ttcttgcaca	1740
cacactagct	acttctactt	ctatcatacc	aaacaaacta	gcttaatttgc	cattgc	1800
cattqccg						1808

<210> 16

5 <211> 1828

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

10 <223> PRO0151 WSI18

<400> 16

gcttgagtca tagggagaaa acaaatcgat catattgac tctttccct ccatctctct	60
taccggcaaa aaaagttagta ctggttata tgtaaagtaa gattcttaa ttatgtgaga	120
tccggcttaa tgctttctt ttgtcacata tactgcattg caacaattgc catatattca	180
cttctgcccatt cccattatat agcaactcaa gaatggattg atatatcccc tattactaat	240
ctagacatgt taaggctgag ttggcagtc catctccca acccaccacc ttcgttttc	300
gcgcacatac tttcaaact actaaatggt gtgtttta aaaatattt caatacaaaa	360
gttgcttaa aaaattatat tgatccattt tttaaaaaaa aatagctaactttaaattaa	420
tcacgtgtta aaagaccgct ccgtttgcg tgcaggaggg ataggtcac atcctgcatt	480
accgaacaca gcctaaatct tggtgtctag attcgttagta ctggatataat taaatcatgt	540
tctaagttac tatatactga gatgaataga ataagtaaaa ttagacccac cttaagtctt	600
gatgaagttt ctactagctg cggttggag gacttccaa aaaaaaaaaagt attagccatt	660
agcacgtgat taattaagta ctgtttaaa aaacttaaaa aataaattaa tatgattctc	720
ttaagtaact ctccataga aaactttac aaaattacac cggttaatag tttggaaaat	780
atgtcagtaa aaaataagag agtagaaagtt atgaaagttt gaaaaagaat tgtttagta	840
gtatacaggta ataaaactatt ccctctgttc taaaacataa gggattatgg atggattcga	900
catgtaccag taccatgaat cgaatccaga caagttttt atgcataattt attctactat	960
aatatatcac atctgctcta aatatcttattt attcgaggt ggagactgtc gctatgttt	1020
tctgcccgtt gctaaggaca cggccacccccc gatgcgggga cgcctctggc cttctgcca	1080
cgataattga atggaacttc cacattcaga ttcgataggt gaccgtcgac tccaagtgt	1140
ttgcacaaaaa caactccggc ctcccgcca ccagtcacac gactcacggc actaccaccc	1200
ctgactccct gaggcggacc tgccactgtt ctgcattgcga agctatctaa aattctgaag	1260
caaagaaaagc acagcacatg ctccggaca cgcgcacccccc ggccggaaaag ggctcggtgt	1320
ggcgatctca cagccgcata tcgcatttca caagccggcc atctccaccg gcttcacgag	1380
gctcatcgcg gcacgaccgc gcacggAACG cacgcggcc acccgcgcc ctcgatgcgc	1440
gagcccatcc gccgcgtctt cccttgcct ttgcccgtat cctctcggtc gtatcccgtt	1500
tctctgtctt ttgctccccg ggcgcgcaca gttcggagta ccagcggaaac ccggacacac	1560
ggtacacccctc cgccggccac aacgcgtgtc cccccctacgt ggccgcgcag cacatcccc	1620
 tgcgcgacac gtgcacccctcc tcataccaaac tctcaagtct caacggcctt ataaatgcac	1680
ggatagcctc aagctgctcg tcacaaggca agaggcaaga ggcaagagca tccgtattaa	1740
ccagccttt gagacttgag agtgtgtgt actcgatcca gcgtagttt agttcgtgt	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

cgtcctcctt	ttgttaacggc	tcgcaaatac	aatgggttgc	ttagattcat	gtcattttaa	60
atcatattat	tttttataaa	gttatcaaaa	tgtacatata	tttatttttatt	tttaccaaac	120
tttactaaat	gagataatcc	aacaaatggc	atttaaagcg	ttcaaatacc	agaaatgcca	180
tcgcccgttat	gcttccgtcc	gtttcacgccc	gttaaaatac	aatgttcatc	ctataacact	240
taatgggttg	gaatggacgg	aaccctaacg	gcgatggcat	tttgggata	aagtgcgttg	300
tacgatggca	tttcttagaa	ctcatatttgc	tcgatggcat	tttttgaatt	tggatgattg	360
tcaatggtat	tttttggatt	atctcttagt	aaatacataa	ggaatcatgc	caaaacttga	420
caatattgtc	aacttatcaa	aatttaatttgc	ggattattttt	ggcgataata	tgaacagccc	480
ttacattttct	gaagaattat	agctcaaata	tggctatggc	cctgtttgga	ttcggagggc	540
tatthaatag	ccctccggaa	tcttgcattt	taagagtattt	aaacgtagat	tactgataaa	600
actcattcca	taacccttac	gctattctac	gagacgaatc	taacgaggta	tattaatcca	660
tgatttgcta	cagtaatcag	ccgctaatacg	tggattaata	tacatcatta	gattcgtctc	720
gtaaaatagg	ctagggatta	tggaatcggt	tttacatcggt	atctatgttt	aataacttcta	780
aatagcaaga	ttccgaaggg	ctatttaata	gctcgagca	tccaaacaag	gcctatgttt	840
agatccaaac	ttccaacttt	ttctatcaca	ttaaactgtc	atacatacat	aacttttcag	900
tcacatcgta	ccaatttcaa	cccaaactttt	caactttgga	agaactaaac	acagcatatg	960
acagtgcagt	tcagctcaat	tttgcgttgc	gcctaaaaaaa	aagaaaaagaa	aaaaagctca	1020
atttggataa	ggctatgaat	aaactcaaaa	aagcatccaa	cctaaccacc	acactggccc	1080
accaggggccc	acgctccact	cccgtgatca	tcaccccttgc	ccctttccag	aaccacccccc	1140
tccttccttc	ctcctcttct	tcttcgtgt	actctgcctt	tataacacccc	tactccctctc	1200
tctcacctcc	accatcttagc	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	atgttagatgc	tcactgcgt	agtagtaagg	tactccagta	cattatggaa	60
tatacaaagc	tgtaataactc	gtatcagcaa	gagagaggca	cacaagggttgc	agcagtagca	120
caggattaga	aaaacgggac	gacaaatagt	aatggaaaaaa	caaaaaaaaaa	caagggaaaca	180
catggcaata	taaatggaga	aatcacaaga	ggaacagaat	ccgggcaata	cgctgcgaaa	240
gtactcgatc	gtaaaaaaaaa	gaggcgcat	catgtgttgc	cagcgtgcag	cagaagcagg	300
gatttgaac	cactcaaatac	caccactgca	aaccttcaaa	cgaggccatg	gtttgaagca	360
tagaaagcac	aggttaagaag	cacaacgccc	tcgctctcca	ccctcccacc	caatgcgcac	420
gcacccctcg	gatcggtgac	gtggcctcg	ccccccaaaa	tatcccgccg	cgtgaagctg	480
acaccccccgg	cccacccacc	tgtcacgttgc	gcacatgttgc	gttatggttc	ccggccgcac	540
caaaatatac	acgcggcg	gcccaaaatt	tccaaaatcc	cgcccaagcc	cctggcgctgt	600
gcccgttcc	cacccagg	ccctcgtaa	tccataatgg	cgtgtgtacc	ctcggtgttgc	660

10

tgtacgtggg	cgggttaccc	tgggggtgtg	ggtggatgac	gggtgggccc	ggaggaggtc	720
cggccccgcg	cgtcatcgcg	gggcggggtg	tagcggtgc	aaaaaggagg	cgatcggtac	780
aaaaattcaa	attaggaggt	ggggggcggg	gcccttggag	aataagcgga	atcgagata	840
tgcccctgac	ttggcttggc	tcctcttctt	cttatccctt	gtcctcgcaa	ccccgcttcc	900
ttctctcctc	tcctcttctc	ttctcttctc	tggtggtgtg	ggtgtgtccc	tgtctccct	960
ctccttcctc	ctctccttctc	ccctcctctc	ttccccccctc	tcacaagaga	gagagcgcca	1020
gactctcccc	aggtgaggtg	agaccagtct	ttttgctcga	ttcgacgcgc	ctttcacgccc	1080
gcctcgcgcg	gatctgaccg	cttccctcgc	cttctcgca	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	agtaaatgac	gaggcgttaa	tagtggttta	180
ggttctcatg	attgtaaatg	ttgagtcgct	tgttagcggct	taagatatag	tagagagtat	240
atctagttt	atcaagacaa	acattgcgta	atgcctcgga	cctaataataa	aagtaggaat	300
tttaacctt	gagaaaactgt	aaccaattga	aactgcaagc	tttaaaaaaaa	catctattgg	360
aagtgatatt	atataagacaa	aataagttc	ttactcttac	tctctcagtt	tcaagttata	420
aaatgtttt	gctttggtca	aaatcaaact	tcttcaagtt	taatcaagtt	tatagaaaaaa	480
atagtaatat	ccaagataaa	tttattataa	aaatataattt	aattattatt	ttaataaaaac	540
taatttggta	atgtaaatat	tactatattt	gtctataaac	tttagtcaaatt	ttaaaaacagt	600
ttaactttga	ccaaagtcaa	aacatcttat	aacctgaaat	ggatggagta	tttgggttgtt	660
tctattttag	gaaacggccg	tttcttcca	ttgattttga	gataaggcaga	gctttaaacc	720
actgccacta	ttgtgcattt	catttgattt	aacacttttta	ccccttatct	ccaataaaaaa	780
cgatattaag	atacccttat	cttttatcca	ccgcttggaa	caaaccaaaa	aaaataaaaaa	840
ttcaaaccctt	ctacactggt	acacacgttc	tctctttcca	tgcacccgaca	ggtctctccc	900
agatccaacc	caaataaaat	ttggacgcat	cccaaaaattc	ggcaaacata	tgacgaaac	960
caaaacaaaa	taggcacaaa	ataatataat	actcctatct	aattaattat	acacaatttt	1020
ttttaaaaaa	aaagcaaggc	aagcgaagca	aagcaaagaa	ggaaacgaat	aacaaagtgc	1080
tcgtcctccc	ggagctcccg	ctctataaat	cgctcctcct	ccccacccac	ccaaacccac	1140
acacacctca	cacctcacca	ccatcacctc	ctcctcctcc	tcctcttcct	ccgcgcgcgc	1200
gagatccagg	gagagggaga	gggagagatc				1230

10

<210> 20

<211> 1234

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> característica nueva

<223> PR00173 - MDH citosólico

<400> 20

gtttggttgg	tgaccgcaat	ttgctatacc	aaaatcttag	acacagttga	attaagctac	60
actttattag	cacattggcc	cgtgcgttat	attgtcattt	tctagccaaa	gtttgccata	120
attgtggcta	acaaattgtt	ggccacattt	tggctacgtt	cgataggaca	tgttcccaac	180
ttctccttct	cgttttcgc	gcgtacgctt	tttcaaactg	ttaaacggtg	tgtttttgc	240
aaaatatttt	tttacgaaag	ttgctaaaaa	aattatatta	atctattttt	tttaaaaaaaa	300
gtagctaaa	cttaattaat	ctcacgctag	acgctgcttc	gttttacgtg	tcgggtaccc	360
aaccctcact	cccgAACACA	gcctttgtgt	gttttactac	agttatagta	aagctagtct	420
ccatccaaac	aatcctttag	tccatataac	ttcgtatact	ccaaaattcc	actcgttcta	480
cgacatcac	taatacgaag	atcaagtgg	agatagat	tttaatgac	atgttatttt	540
cagtgaacac	ttgaggtcct	cacgatccac	aaacacacat	ttcgtagat	aagtctgaa	600
atactccata	cggcggttgt	cacgatgtca	tgatcgtcgt	taccaagga	agaagaaaag	660
agtggcatct	tctccacgccc	agtgttccca	acggagcatc	tttcttccc	ccacacggca	720
tcgacgtcac	actttcttgt	gcaaacttta	ataattagtc	caaaaacaaa	aaaagaattt	780
cgccacatc	ttctcccgaa	acgccaggtg	ggcccccacct	gcatcactga	cagcctgtcc	840
ccacaacgcg	cagtcgtgtc	cccacctgtc	aggatgttag	cgtctccgtt	gcaggtttcc	900
cagatccat	cgccgatctg	tggccagcg	cccacgggt	cacgcccccg	cacacctggc	960
tccaacccac	ccacccacg	cgctccgtgg	ccgacagcgt	ggacccacct	agggtggggcc	1020
caccgtcagt	gggagatggg	tagggagcc	cccacgtggg	agcaacgggg	gttctccggg	1080
ctccccgtcg	ccgcgagggtt	aaataacggc	cacccgtttc	ccctctctc	gcaaaactca	1140
cccaaaagag	cagcgtcgcc	tctcctcctc	ccccctaacc	cctacgcttc	cagaaccttc	1200
tcgaagctcc	cgctcccccc	ccccttccgc	tcca			1234

5 <210> 21

<211> 1553

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

10 <221> característica nueva

<223> PRO0175 RAB21

<400> 21

gtcaccaccg	tcatgtacga	ggctgcttca	ccactgcctc	actgccacca	gcgtctcccg	60
ccgcgtgcaa	tacaagaaga	aacatcgaac	ggtcatataa	ggttaagaccc	actaccgatt	120
taacctatca	ttcccacaat	ctaattccact	tatttctctt	cccatgatct	tatcctctca	180
tttctcctca	ctactttgc	atttgttagga	aacacaatga	caccgtcgaa	gaaagctggt	240
ggagcaccgt	agccagcaat	caccaaaaaca	cagagggggag	gaggtcggca	gcggccatgc	300
ggacggcgat	gagacaacgc	gacgcaaaga	gggaggagga	cgttggcgat	catgctggtg	360
ttggcggagg	aggtcactgg	ccatgcgaat	gacagcgggg	cagcgcaaca	caaaaagggg	420
ggaggatgcc	ggcgaccacg	ctagtaccat	gaagcaagat	gatgtgaaag	ggaggaccgg	480
acgagggttg	gacctctgcc	gccgacgtga	agagcgtgat	gtgtagaagg	agatgttaga	540
ccagatgccg	acgcaactta	gccctgcaag	tcacccgact	gcatatcgct	gcttgcctc	600
gtcctcatgt	acacaatcag	cttgcttatac	tctccatact	tgtcgtttgc	ttcccggtgc	660
cgaaatagaa	gaagacagag	gtgggtttg	ttggagagtt	ttagtggtat	tgttaggccta	720
tttgttaattt	tgttgtactt	tattgttatta	atcaataaaag	gtgttcatt	ctattttgac	780
tcaatgttga	atccattgtat	ctcttggtgt	tgcactcagt	atgttagaat	attcattccg	840
ttgaaacaat	cttggtaag	ggttggaca	tttttatctg	ttcggtgaaa	catccgtaat	900
atttcgttg	aaacaatttt	tatccgacag	caccgtccaa	caatttacac	caatttggac	960
gtgtgataca	tagcagtccc	caagtgaaac	tgaccaccag	ttgaaaggta	tacaaagtga	1020
acttattcat	ctaaaagacc	gcagagatgg	gccgtggccg	tggctgcgaa	acgacagcgt	1080
tcagggccat	gagccattta	ttttttaaaa	aaatatttca	acaaaaaaaga	gaacggataa	1140
aatccatcga	aaaaaaaaaa	cttccttacg	catcctctcc	tatctccatc	cacggcgagc	1200
actcatccaa	accgtccatc	cacgcgcaca	gtacacacac	atagttatcg	tctctccccc	1260
cgatgagtca	ccacccgtgt	cttcgagaaa	cgcctcgccc	gacaccgtac	gtgcgccacc	1320
gccgcgcctg	ccgcctggac	acgtccggct	cctctccgc	cgcgtggcc	accgtccacc	1380
ggctcccgca	cacgtctccc	tgtctccctc	cacccatgcc	gtggcaatcg	agctcatctc	1440
ctcgccctct	ccggcttata	aatggcggcc	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

<400> 22

cagacacac	aatatagac	attccaaaa	aataatca	atgcata	atcactatac	60
atgacttgg	tctagtat	gaagtggata	gttccactac	ctacataaa	acccactact	120
agtttattac	ttttcacat	atagcataaa	atttaaagaa	aaaataaaca	gaagtggat	180
aagcgaaaa	ccccgcttac	ccgccccatt	tacatcccta	cttggatcct	gcatgtcagt	240
aagatatca	aattatatgt	tttagaatta	tatgtttt	tggaaagg	aatccgatt	300
attagacgc	acataccaag	tggcgtatac	ttggcttcac	tcttccatc	agagcaagcg	360
taaaagatca	cgtattcag	tcacatggag	taactgagcg	aattttttc	atttttaat	420
ttttgtttt	taatatttac	ataaatatta	taccggcgaa	aatatttaca	aaagtagacc	480
ctgctgcct	tctccttctc	gagaagagcg	gcagggtgat	gtcagg	gaaataaact	540
ccaaaaatgc	attttggct	gggcggaaat	tgcacttacc	cccttgc	cctctacaaa	600
ggttgcaagg	gacctcagtg	caaatacgc	acaccttgcc	gtcctccact	tggacggcat	660
gggctatttc	tgttaatatt	ttggatggta	taatatttct	gttaatatta	aaaaataaaaa	720
atttaaaaat	gaaaaaaattc	tatctgggct	cccttctc	atctcacacg	gcccaccaca	780
caatcccg	ccacatattt	cctggggcca	tttccgtgt	aatggagacg	gcccattggc	840
gcgcacatgc	ggaaaagcgt	acacacgatt	cggaaatttga	aatctcaaaa	agcgcccg	900
agagcgcgtc	ccctccaacg	gctatcccc	atacaaaaga	tcactcgaat	cccccccaaa	960
tcgaccaaac	cctaaatcca	cgcgcattcc	acaccaccca	accagcgaga	gagagatggc	1020
ggcgctccac	caccaggcgg	cggcggcgcc	ggtgacgacg	acgacggacg	ggggcgagct	1080
					gcggcg	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

tttgacgact	gaatcgnggc	tcgcctctgc	ggcggccgct	ctagattagn	gttccccctg	60
tctgttgtaa	ttcggcacga	gggctgatca	agagcttta	attagctagc	tagtgattag	120
ctgcgcttgt	gatcgatcga	tctcggtac	gtagcaatgg	cgtccaaggc	gttcgctctg	180
ttcctggccg	tgaacctcg	cgtgctcggg	gtggcaagcg	cctgcggcgg	cagcccgctcg	240
tgcccgacgc	cgacgcccgtc	gaccccgaca	ccgtcaacgc	cgacgcccac	gccgtcggcg	300
ttcgggaggt	gcccccgcga	cgcgctgaag	ctgggctgt	gcgccaacgt	gctgggcctg	360
atcaaggcca	aggtgggctg	gcctccggcg	gagccgtct	gcccgtct	ggaggggctc	420
gtcgacctcg	aggcggcggt	gtgcctctgc	acggccatca	ggggcaacat	cctcggaaatc	480
aacctaacc	tccccatcga	cctcagcctc	atcctaact	actgcggcaa	gaccgtcccc	540
accggcttca	agtgctaagc	agcgtgcata	tgcaatgcct	gcatgggttgc	atcctacgtat	600
cggtgattag	ttggcttga	cgactcttga	tttgatttgc	ttgctgctct	gttatttgc	660
tactacgtta	cgtacgtact	ttgcatgcaa	cgcaacgcatt	gatcgatcgt	gcatgctggc	720
tgtttgtacg	tatcacggta	ccagtttgg	ttctctctgt	actctctct	ttgtcttctt	780
tgttagtactc	ttattcccg	tatccgtacg	tgcgcat	ttgtaaaggc	cggtgcttagc	840
ttgtgtgccc	gtaccaactt	ctaataaagc	tatgggtgga	acttcaaaaa	aaataaaaaaa	900
aaaactggag	ggggggcccg	ggtccaattt	agactataat	gagttaaaca	ccccgctcat	960
cggccgaaga	taacaacacc	gggcttggaa	aacctagact	gcccaactaa	tggacggaag	1020
acagactctt	ggactgaaac	tgaacgaaac	aagaccaccc	accccatcta	accacagccaa	1080
cctaccgcca	aagattccaa	taatgtgaat	cagtcggtaa	tagaacactc	ctcttgcgtacg	1140
attttactgc	cccgccacc	cctcggtacg	cacttatata	tatcgcccg	tagtaatttc	1200
ctggttccgt	cacttccctc	atgcacatcg	ctagtcgtgg	cttacatacg	tgcgtccctct	1260
tattatcgaa	cq					1272

<210> 24

<211> 2425

5 <212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

<223> TC90358 (PRO0005)

<220>

10 <220>

<221> característica nueva

<<<<> (1558)..(1558)

<ZZ3> n = cualquier Nucleótido

<400> 24

cccacattga	ataattat	taaataat	aagt	ttttggctt	tagat	atatt	60
cccaatcccc	aacccccc	aatccgatc	tctccc	agttcgat	caagg	ctgtg	120
tcgatcgcaa	aaaagaaaaa	aaaaacaatt	tccttt	gtgg	ttc	atc	180
ttctttgtt	cccg	cggttt	gttggg	attt	cgat	ttcgg	240
ggccttgaac	ttgg	ctcaga	gcgc	ccgg	gcgt	gtgc	300
qcg	cg	gatgtt	tcg	ccat	gtcg	tcgt	360
gaggat	ga	ag	tcg	gtcg	gtcg	tcgt	420
ggcggcgg	ggcgg	ggcgg	gttgc	gagcc	gttgc	ggcgt	480
ggacacgg	ggac	acgg	gtca	acgt	gtca	ggcgt	540
gcccgcgt	gag	ggcgg	ggcgt	ggagg	ggagg	ggagg	600
ggagagcg	ggccc	ccgg	gttaca	actt	cgac	ggctac	660
ccgc	caag	acc	ccgc	ccgt	tg	gagat	720
ccgc	gact	cc	gtca	acat	cc	ctcg	780
cgac	cctc	cc	tgca	acat	cc	tcgg	840
cgac	ccat	cc	ccgt	tctt	cc	tcgt	900
cgcc	cttc	cc	gacc	actt	cc	tcgt	960
catgg	ggcc	cc	ttcg	ttac	gt	tcgt	1020
gttccc	ccgg	cc	ttcg	tacc	cc	tcgt	1080
ggcgg	gggg	cc	gttca	at	cc	tcgt	1140
gctaca	acaa	cc	atgg	ggac	cc	tcgt	1200
ccg	atgg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1260
gcgt	gttgc	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1320
aggt	gttgc	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1380
ggta	ctgg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1440
ccac	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1500
gcgc	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1560
cg	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1620
gg	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1680
gat	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1740
catgt	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1800
ggcc	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1860
cg	gggg	cc	ccgt	ggat	cc	tcgt	1920
tttttttt	tctttt	cc	at	ttt	cc	tcgt	1980
ttgtct	ctgg	cc	ttt	ttt	cc	tcgt	2040
gatc	at	cc	ttt	ttt	cc	tcgt	2100
acac	act	cc	ttt	ttt	cc	tcgt	2160
aaaa	aaa	cc	ttt	ttt	cc	tcgt	2220
tcag	ctgg	cc	ttt	ttt	cc	tcgt	2280
ttaagctaag	ttaattgcac	gagtaattac	tccacgg	tttgc	tttgc	tttgc	2340
agat	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2400
aagttgc	ccttgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	tttgc	2425

<210> 25

<211> 3410

5 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83635 (PRO0009)

<400> 25

ccatggacac	cgctccgtc	accgggtggcg	agcacaagg	gaaggagaag	acgtgccgg	60
tgtgcggcga	ggaggtggcg	gchgaggagg	acgggaagcc	gttcgtggcg	tgcgccag	120
gcggcttccc	ggtgtgcaag	ccctgtacg	agtacgacg	cagcggagg	acccagtgt	180
gcccccaagt	caacacccgc	tacaagcgc	acaaagggt	cccacgggt	gaaggcgcac	240
aggacgacgg	cggcgacatg	gacgacttcg	aggaggagtt	ccagatcaag	agccccacca	300
agcagaaacc	cccccacgag	cccgtcaact	tcgacgtcta	ctcgagaaac	ggcgagcagc	360
cggcacagaa	gtggcgcct	ggaggcccgg	cgctcttcc	cttacccgg	agcgtggct	420
ggaaggatct	ggagcaggag	agggagatgg	agggtggcat	ggagtggaaag	gacaggatcg	480
acaagtgaa	gacaaggcag	gagaagcggg	gcaagctcaa	ccgcgcacgac	agcgcacgac	540
acgacgacaa	gaacgacgac	gagtacatgc	tgctcgcgg	ggcgaggcag	ccgctgtgg	600
ggaaggtgcc	gatccgtcg	agcaagatca	acccgtaccc	gatcgtgatc	tgctccggc	660
tggtggtgc	ctgttcttc	ctcaagttcc	ggatcacgac	gccggcgat	gacgcgg	720
cgctgtgct	ggcctcggt	atctgcgagc	tgtggttcgc	gctgtcg	atcctcgacc	780
agctgccaa	gtggtcgcgg	gtgacgaggg	agacgtac	ggaccggct	gccctccgt	840
acgagcgcga	cggcgagccg	tgccgcctgg	ccccgatcga	tttcttcgtc	agcacgg	900
acccgctcaa	ggagccgccc	atcatcaccc	ccaacaccgt	gctgtccatc	ctcgccgtc	960
actacccgt	cgaccgcgtc	tcctgtacg	tctccgacga	cggcgctcc	atgctgtct	1020
tcgacacgct	ctccgagacc	gccgagttcg	cccgcgggt	ggtccccttc	tgcaagaagt	1080
tcaccatcga	gccccgcg	cccgagttct	acttctccca	gaagatcgac	tacctaagg	1140
acaagggtcca	gcccaccc	gtcaaagaac	gccgcgc	gaagagagag	tatgaggagt	1200
tcaaggtgag	gataaacgcg	ctggtggcga	aggcgcagaa	gaagccgg	gaagggtgg	1260
tgatgcagga	cgggacgcca	tggccggg	acaacacgag	ggaccaccc	ggatgatcc	1320
aggtgtaccc	ggcagccag	ggcgcgctcg	acgtcgagg	cagcag	ccgcgg	1380
tgtacgtgc	ccgcgagaag	cggccggct	acaaccacca	caagaaggcc	ggcgc	1440
actccctcg	tcgcgtctcc	gccgtctta	ccaaccccc	cttcatcctc	aacctcgact	1500
gcgaccacta	cgtcaacaac	agcaaggcc	tccgcgag	catgtgttc	ctcatggaca	1560
agcagctcg	caagaagctg	tgctacgtcc	agttccccca	g	gcgttcgac	1620
gccacgatcg	ctacgccaac	cgcaacacc	tcttctcga	catcaacat	ggcatcgacc	1680
acgggatata	ggggccgg	tacgtggg	cggggacg	gttcaacagg	caggcgt	1740
acggatacga	cccgccgcgg	ccggagaaga	ggccgaagat	gacgtgcac	tgctggcgt	1800
cgtggctcg	ctgtgtcg	tgcttcgg	gggggaagcg	cgcaagtc	cacaagaaca	1860
agaaggccgg	cggcggcgg	gagggcgg	gcctcgcac	gccgcgc	ggctgtcg	1920
ggttctacaa	gaagaggagc	aagaaggaca	agctcgg	cggcgcgg	tcgtcgcc	1980
gagggaaagaa	agggtaccgg	aagcacc	gcgggttcg	gctggagg	atcgagg	2040
gcctcgagg	gtacgacgag	ctggagcg	ctgtcg	gtcgc	agcttcgaga	2100
acgggttcgg	ccagtcgc	gtgttcat	cctccac	cg	gcggcctcc	2160
cccaggcgc	cgcgc	ccgcgc	tcatcaag	g	ccatccac	2220
cgccgtacg	ggagaagacc	gagtgg	aggagatt	gtggat	gggtcggt	2280
cggaggacat	cttaacggg	ttcaagat	attgcgt	gtggaa	gtgtact	2340
cgccggcgc	ggcggcattc	aagggtcg	cgc	c	gtctgcacc	2400
aggtgtcc	gtggcg	ggctcgt	agatctt	gagcc	tgcccgt	2460
ggttacccat	ggggccgc	tcaagtgg	cg	gc	acaccat	2520
ctacccctt	acccat	ccctc	ctactgc	acc	atcccgc	2580
caccggcaag	ttcatcat	ccacg	ttaa	caattgg	tgctgc	2640
tttcctgtcg	atcatcg	cg	gggggt	gg	tgagcat	2700

ggactggtgg	aggaacgagc	agttctgggt	gatcggcggc	gtgtcggcgc	acctgttcgc	2760
cgtgttccaa	ggcctcctca	aggtgctcg	cggcgtggac	accaacttca	cggtgacgtc	2820
caaagccgcc	gccgacgaag	accgacgcgt	tcggcagact	ctaaactgttc	aagtggacga	2880
cgctgctgt	gccggccgacg	acgctgatca	tcatcaacat	ggtggggatc	gtcgccggcg	2940
tgtcgacgc	cgtgaacaac	gggtacgggt	cgtggggccc	gctttcggg	aagctttct	3000
tctccttctg	ggtcatcctc	cacctcttacc	ccttcctcaa	ggggctcatg	gggaggcaga	3060
accggacgcc	cacaattgtc	gtgctctgg	ccaaacccct	cgcctccatc	ttctccctcg	3120
tctgggtcag	gatcgacccc	ttcatcccc	agcccaaggg	ccccgtccctc	aagccatgcg	3180
gggtctcgtg	ctgagctgct	gctgctactt	ctctgtgtct	ctgcatttg	caagagggat	3240
gaccggatgg	atgattttt	ttgtatggag	tattttga	tgttcatgt	caagttttt	3300
tgagtggat	aaaagtgttt	tggggtaaa	atttgaaga	actgaggtgg	agattatact	3360
cgaatttaag	aacaattgtt	tttgaatttt	ctttaagat	ttttggagat		3410

<210> 26

<211> 602

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83117 (PRO0058)

<400> 26

ccccccccc	gaggttcgac	ccactcgtcc	gctgacgggt	agttccaagg	gaaagaagaa	60
atggaggctt	cacgcaaggt	gttctcgcc	atgcttctca	tgggtctgct	gcttcagcc	120
actggtgaga	tggggggcc	ggtgatgg	gcggaggctc	ggacgtgcga	gtcgcaagac	180
caccggttca	agggcccgt	cgcccgcaag	gcgaactgcg	ccagcgtatg	caacacggag	240
ggcttcccc	acggctact	ccacggcg	cgccgccc	gatgtgcac	caagccctgc	300
ccctgatcga	tgaaccagca	gctagcgcag	cagcttgc	cgccacctcg	cgcacatgtgc	360
atcggtcg	tcgatcgat	cctagctg	ctatgaatga	ataaaagtgt	gtggcttat	420
cgtggtttc	tcttggagaa	cttggctt	tgtgggtt	agttcgatcg	ttttgtgc	480
ccaccatcca	tccatcctcc	cattctgctt	gttctaagg	tataactacta	cttggagaagg	540
tgtatgcaatt	gtgctcaaca	gtttat	acttcatcc	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	ggaaaaaaaaa	acaaaaacaca	ccaagccaaa	taaaagcgac	60
aatgggatcg	ctcaccacca	acatcgctt	cgccgtcgcc	gtgtggcag	cgctggcgg	120
cggcgggtcg	tgcgccccgc	ccaaggtgcc	accggccccg	aacatcacga	ccaactacaa	180
cgccccgtgg	ctcccgccca	ggccacctg	gtacggccag	ccctacggct	ccggctccac	240
cgacaatggt	ggcgcgtgcg	ggatcaagaa	cgtcaacctg	cctccctaca	acggcatgat	300
ctcctgcggc	aacgtcccaa	tcttcaagga	cgccagggga	tgccgctcat	gctacgaggt	360
gaagtgttag	cagccggcgg	cgtgctcgaa	gcagccggtg	acgtgttca	tcacgacat	420
gaactacgag	cccatctcg	cgtaccactt	cgacttctcc	ggcaaggcgt	tcggcgccat	480
ggcttgcgg	gggaaggaga	ccgagctccg	caaggccggc	atcatcgaca	tgcagttcag	540
gagggtgcgc	tgcaagtacc	ccggcggcca	gaaggtcacc	ttccacgtcg	agaagggctc	600
caaccccaac	tacctcgccg	tgctcgtcaa	gttcgtcgcc	gacgacggtg	acgtcatcca	660
gatggacctc	caggaggccg	gattgccagc	gtggaggccc	atgaagctgt	cgtggggcgc	720
catctggagg	atggacacccg	ccacgccact	caaggcaccc	ttctccattc	gcgtcaccac	780
cgagtccggc	aagagcctca	tcgccaaaga	cgtcatccc	gtcaactgga	tgccagacgc	840
catctacgta	tcaaacgtcc	agttctattt	agatcgacg	gaaacgatcc	tcctaattta	900
tttccctatt	aatttgttca	aatggtttcc	ttctataacc	tatattttc	ccgttgttag	960
aaatggttcc	atttcctcct	acagcttact	ttaagatagt	tgccttgta	tatctgcgcc	1020
atcttgtaag	ttgtaagatg	ctgaagaaca	ctatgaattc	tgacgatctg	attctccggg	1080
aagatttact	atgataaaca	acagtttgat	ttactatgtg	tgtcccttg	tttattgtat	1140
gctatcctaa	tacttatgaa	angtttgat				1170

10 <210> 28

<211> 861

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

15 <221> característica nueva

<223> TC89985

<400> 28

ccacgcgtcc	gcccacgcgt	ccgcgcgtcag	cagcagcagc	agcttgcaca	ctcgagctta	60
gcttagctt	tgcaagagag	atcgagctag	agatggagaa	gtcgagcaag	atgatggcgg	120
tggcggcgtt	gctgggtgtc	gcgggtggcg	gcgcggcgga	ggcgaggaac	atcaaggcgg	180
cggcggcggc	ggcggcggag	agcaaggaca	cgggtggtgca	gccgacgacg	ttcccgccgt	240
tcgaccgctt	cgggagcgcg	gtgcccggcg	tcggcggcat	gcccgccagc	agcatcccg	300
gtttagcct	ccccggcagc	agcggtccca	ccccggcg	cctcggcggc	ttcggcagca	360
tgcggatgtt	cgccggcgtc	ggcggcggct	cacctggcct	cgccggcggc	atgcccgg	420
cccccgccgc	cgccgacaag	caggccaaga	agccatgaga	gacccatcgcc	tcgcccggcgg	480
cgtcgccgct	gctgcgcggg	taatgtgtc	tatgttagcgc	acgcgttgc	atgcaatatg	540
gatggctata	tgacgcgcgc	gcgttatatac	ttcatatgtg	cagtttagctt	gcactgtgtc	600
tagctagcgt	tctattatga	gtagtgtctc	ttctatctct	tttctttaca	tgcatttgga	660
ggaggattat	tctatctgtt	tgttggttgg	ttgtgtttgt	ttgttttaat	taggtccctt	720
cttatatttt	gtgttttaat	taagttcgtg	atcatgtgt	agtactacca	ctgtttcgag	780
ctcgaggcat	gaataatgt	aaatgtgatc	attattgtgt	tattgtatgg	tgtatggctat	840
atataattact	atctctgtt	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

cccaangcgtc	cgaaccaatc	gactcgcacc	accaccagca	gctcaaggcag	caacagctca	60
-------------	------------	------------	------------	-------------	------------	----

aacggaggaa	gatctcatcg	ccatgacgac	cgccaatggc	gacgcaccgg	tgatcaagaa	120
cggccacagc	gacatcgaca	gcaccaacaa	gacgctgctc	aagagcgacg	ccctgtacaa	180
gtatgtcctg	gacacgacgg	tgctgccacg	ggagccggag	tgcacatgcgcg	atctgcgcct	240
catcacggac	aagcaccagt	gggggttcat	gcagtcgtcg	gcggatgagg	cgcagtgctg	300
gggatgctgc	tgaagatggc	cggagcgaag	aggacaatcg	aggtgggtgt	cttcaccggc	360
tactcgctgc	tggcgacggc	gctggcgctg	ccggaggacg	ggaagggttgt	ggcgatcgac	420
ccggacaggg	agagctacga	gatcgggcgg	ccgttcttgg	agaaggccgg	ggtggcgac	480
aagggtggact	tccgcgaggg	gaaggggctg	gagaagctgg	acgagctgct	cgcgcaggag	540
gcggcggcgg	ggcgcgaggc	ggcgttcgac	ttcgcgttcg	tggacgcgga	caagccaaac	600
tacgtcaagt	accacgagca	gctgctgcag	ctgggtgcgcg	tcggcgggca	catcggtac	660
gacaacacgc	tgtgggcgg	cacgggtggc	ctgcccggcgg	acacgcccgt	gtcggacactg	720
gaccggaggt	tctccgtcgc	catcaggac	ctcaactcca	ggctcgccgc	cgaccgcgc	780
atcgacgtct	gccagctcgc	catcgccgac	ggcatcacca	tctggccgcg	cctcggtgt	840
ggtcgagacc	gagacattac	cggccgatcc	atccatcgct	ctcgcgtgt	taattaacgt	900
gtgttgcgt	actcttctac	tgctacaact	atactattac	ttcccttaatt	gccgcctaaa	960
ttttcctata	cgtgttcaa	tcaatgagat	tattatattc	ttcgagcatg	agagagacgg	1020
agttgttaggg	acattttagt	atgggttta	ctgtactaca	tgttgataag	tgcaacatct	1080
ctttccatgg	ttgctactct	actcaccgtg	tcatgttgg	tgccgatttt	gatctcatct	1140
gcaagatgga	ctactggggc	ccaaaatgga	acagactggt	ccctcgatcc	tgcaggagct	1200
tgcacctgtt	gcaagggcct	ttttaactgg	ctaactaggt	gggttaagttag	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

gcnggcttcg	gcangagttc	aaacattata	gttgaagcat	agtagtagaa	tcctacaaaa	60
atgaagatca	tttcgtatt	tgctctcctt	gctattgttgc	catgcaacgc	ttctgcacgg	120
tttgcgttc	ttagtcaaag	ttatagacaa	tatcaactac	aatcgcatct	cctgctacag	180
caacaagtgc	tcagcccatg	cagttagttc	gtaaggcaac	agcatagcat	agtggcaacc	240
cccttctggc	aaccagctac	gttcaatttgc	ataaaacaacc	aagtcatgca	gcaacagtgt	300
tgccaacagc	tcaggctggt	agcgcaacaa	tctcaactacc	agggcatttag	tagcgttcag	360
gcgattgtgc	agcaactaca	gctgcagcag	gtcgggtttgc	tctactttga	tcagactcaa	420
gctcaagctc	aagctttgtc	ggccttaaac	ttgccatcca	tatgtggtat	ctatcctaacc	480
tactacatttgc	ctccgaggag	cattcccacc	gttgggtggtg	tctggactgt	aattgttaata	540
gtataatgttgc	tcaaatttttt	aaaataaaagt	catgcatcat	catgcgtgac	agttgaaact	600
tgtatgtcata	taaatctaaa	taaaatcacc	tattttaaata	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

cctcgaggggt	cgacccacgc	gtccgctctc	ctctttctc	tcgcccac	cgctcgccga	60
ggttgccgtc	tccttgcgtc	ctccgctcct	tgccgcgcgc	ccgcgcacgag	tcgcggggag	120
gggcggcgat	ctccatctcc	atctgaggcg	aggagagcag	gggaggtgag	gggatccctgg	180
tgaggtttgt	gattactgga	caatagaaat	atttacacaa	tatggctggc	ggctctgctg	240
atgcagtgtac	caaggagatg	gaggcgctac	tcgttggaca	aaatccaaat	gcggtagtgc	300
gagaaacatg	cgagacctca	tcaaaagaag	gcaaagttgc	agatagcaat	ggatctcatt	360
cttcaccacc	agaagatgtat	gatgatgaag	cgcaagggg	tggccatct	caagattgga	420
ggatccagaa	gctttc					436

<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	attaccggag	tat	tttgca	aagggagtaa	tcaaagt	ttcc	aatacga	aaat	60
cgcggtcgta	gtagtacaat	aca	aaagacga	gtt	cacggag	cg	cgtaa	act	120
aattaaacgt	cgcggagaaa	taat	agccga	actggat	gat	gagcag	act	gcct	180
gcctagccta	gcccatcatg	gcg	aggccga	cg	gcccgcac	cag	caggccc	atc	240
gggcctcgct	gccgctggcc	ccg	ccgggtgc	tg	cccgtcga	ctt	cg	tcgtc	300
gcgtcggtgt	cgcgtccggc	gtc	gacgagg	gcgt	gtccat	gc	ccgggtcc	gt	360
tggcgggcgt	cgcgggtggac	ggc	ggggacg	acg	acgcccgt	cgg	gggtgggg	gt	420
ccgcccgcga	gaccgtgacg	gcg	agcttca	tg	ccgcggga	gc	agtgcccg	ct	480
agatgaagta	gcgggtgccc	ggc	tttgtga	gc	gcgtatctt	gg	gttctgg	tc	540
actggatcga	gttgctggcg	gac	acgcgt	gt	agtca	gag	ctcacct	cc	600
gtgcatcatg	ctgtactgga	ac	acgagcga	gt	accaacg	ct	gaagg	tg	660
ccaggtatcg	tagtccacgc	cact	gctcca	gc	ggatgtg	tc	ggc	tc	720
ggcgaaagcc	ggcgcaacgg	cgg	cgaggag	tag	accacc	ag	acctgcag	ct	780
atgtactcca	gccatgatgg	cag	agttat	tag	caaacgc	ga	actgatta	gag	840
agtactggtg	gccctcg	tcgtgc							860

<210> 33

<211> 1167

<212> ADN

10 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83072 (PRO0116)

<400> 33

aggaaaagaa	gaaaaaaagat	cctgtgaacc	ctacgaaact	accgaagcga	acggaaggca	60
ggaatcggcg	gcggcggcgg	cggcggcgg	ggggagaagc	catggagcgg	ctgcagcgg	120
tcttcggcgc	ctccggcatg	gggcagccgc	cgtcggactc	gccgctgctc	gactcctccg	180
agcaggtcta	catctcctcc	ctcgccctcc	tcaagatgct	caagcacggg	agggccggcg	240
tgccgatgga	ggtgatgggg	ctgatgctgg	gggagttcgt	cgacgactac	acggtcaggg	300
tggtcgacgt	cttcgccatg	ccgcagagcg	ggaccggggt	cagcgtcgag	gccgtcgacc	360
atgtcttcca	gaccaacatg	ctcgacatgc	tcaagcagac	cgggaggcca	gaaatggtgg	420
taggttggta	ccattccat	cctggatttg	gttgctggct	ttcaggagtt	gacatcaata	480
ctcaacagag	ttttgaagct	ttaaaccctt	gggcagttgc	cgtcgtgata	gatccatcc	540
aaagtgtcaa	ggggaaagtt	gtcattgtat	catttcgcct	tattaaccct	cagaccatga	600
tgcttggtca	ggagccacga	cagacaacat	caaatgttgg	gcacctaata	aagccatcta	660
ttcaggctct	tattcatggg	ctgaacaggc	actactattc	aattgcaatc	aattaccgg	720
aaaatgagct	tgagggaaaag	atgttactga	acttgcacaa	aaagaaatgg	accgatggat	780
tgattctgaa	gagggttgac	actcattcaa	agaccaatga	gcagactgtt	caggaatgc	840
tgaaccttgc	tatcaagtac	aacaaggcgg	tgcaagagga	ggatgagctg	ccgcctgaga	900
aattagcgat	agcaaataatgt	ggacggcaag	atgctaagaa	gcacttggaa	gagcatgtct	960
ccaatttgc	gtcatcaaac	atagttcaga	cgcttaggaac	catgctcgat	acagtgttat	1020
tttagatcac	tactgctgtt	atcccaacac	tgtacccaga	gctcgtttat	tttttatttt	1080
tttatgttta	tcgaaggccta	ccataattca	gtgaacttaa	cgccagttac	atttgggtta	1140
tgaaagctta	ccacttgaca	acttcat				1167

<210> 34

<211> 871

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC90038 (PRO0117)

<400> 34

cctagctcct	cccgccgccc	ccgcccgcgc	cgccgcccgc	tctccactcg	agagacccag	60
ccgcccgcgc	cgccgcgcgc	gccatgtcgc	tgatgcgg	ggaggacttc	cagcacatcc	120
tgcgtctgct	gaacaccaac	gtcgatggg	agcagaagat	catttcg	ctcacccatcc	180
tcaagggtgt	cggccgcagg	ttctccaaca	tcgcctgca	gaaggccgac	atcgacatga	240
acaagaggc	cggtagctt	acgcggagg	agctggagcg	gctgatgacc	gtggggcga	300
acccgcggca	gttcaagggt	cccgactgtt	tcctcaacag	gaagaaggac	tacaaggacg	360
ggaggttctc	ccaggttgc	tccaacgcgc	tcgacatgaa	gctcaggat	gatcttgaga	420
ggctcaagaa	gatcaggaac	caccgtggc	tgaggcacta	ctggggcctc	cgtgtgcgt	480
ggcagcacac	caagacaacc	ggaaggagg	gtaagactgt	cgggtgtcc	aagaagcgat	540
aaggctaaga	accacccgag	acttgcgt	gcgttgcgtt	gggtgatgtt	ttgccttagg	600
ataatatttt	gcagctatgg	aaccttgcgt	taatgtatct	tgaagagtgt	ctttggaaac	660
taagagtaat	ttactttct	tgaaactatt	gcagtattga	ctccttgcgtt	attgcatttc	720
tccactttct	tctaccact	taaaactatt	gcagtatcga	ctccttgcgtt	attgcatttc	780
tccactggct	tctgccttaa	tttggatgt	tgcatgcgt	gtgtatctgg	ttcatgtgtat	840
gtacccatgg	cagcttgcgt	gcattggat	t			871

<210> 35

<211> 1245

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

5 <223> TC82936 (PRO0122)

<400> 35

acgcggccaa aacgtaccct	tgtgactaca cccgcttcgc	ttcctccctt ctctaaaggcg	60
ggaaagctaa gccatggcgt	ccgtcaccgc cccgacccccc	gtcgagcccc tccgctcg	120
ggcgctcgctc aagtctacct	tccttagggca atcctccacc	cgccctcgccc ggcacccgac	180
tacgaggcgt aatgttcggg	cggaggccaa gggagagtgg	ctcccccggcc tcccttctcc	240
cacctacctc aacggcagct	tgccaggcga taacgggttc	gaccgggtgg gtctggcgga	300
ggacccggag aacctgcgt	ggttcgtgca ggccggagtgg	tgaacggcg gtggcgatg	360
ctgggggtgg ccgggatgct	gctgcctgag gtgctgacga	agatcgggtt gatcgacg	420
cccgagtggt acgacgcccgg	caaggccacc tacttcgct	cgtcgac gctgttcgtc	480
atcgagttca tcctgttcca	ctacgtggag atccggcggt	ggcaggacat caagaaccct	540
ggctgcgtca accaggaccc	catcttcaag agtacagcc	tcccggcga cgagtgcggc	600
taccccgcca gcgtcttcaa	ccccctcaac ttcgagccca	ccctcgaggc caaggagaag	660
gagctcgcca acgggaggct	ggcgatgctg gcggttctgg	ggttctcggt gcagcacaac	720
gtgacgcaga aggggcccctt	cgacaacctg ctgcagcacc	tgtctgaccc gtggcacaac	780
accatcatcc agacgctgtc	aggctgagcg tggatcgat	ttcatcgagg ccagggcatc	840
tcaaggagct tgatgagttc	aggctggta aaccgatgat	tggcgatgg aagatgttct	900
cttcttgttt ctctttttt	tttttgtgga gtatcgatgt	ataagatgtt aatgaattgg	960
ggggaggaga gagagagaga	tggatgtgat gagattcaga	cttactgtgt gtgttgggt	1020
aattgtttcc tgcattgcatt	gatctggatg catgggtgag	ggggtagtt gagtggtaa	1080
tttctgtatgt acagactac	agggggataa actatctcat	ggtacagca gtgttctagc	1140
tatctcatgg tctcgatctt	aattatggtg gataaaactac	gcttaattgc ttgtcaagt	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 cagaaaacata gtacacttga gctcactcca 60
aactcaaaca ctcacaccaa tggctctcca agttcagcc gcactcctgc cctctgctct 120
ctctgtcccc aagaaggta acttgagcgc ggtggtaag gagccgggt tccttagcgt 180
gagcagaagg ccaagaagcc gtgcgtggc gtgagggcg tggcgacgcg gcggggccgt 240
ggcgagcccc ggcgcggca cgtcgaaaggc ggacgggaag aagacgctgc ggcagggggt 300
ggtgtgtatc accggcgcgt cgtcgggct cgggctcgcg gcggcgaagg cgcttggcg 360
agacgggaa gtggcacgtg gtgatggcgt tccgcgactt tcctgaaggc ggcgacggcg 420
gcgaaggcgg cggggatggc ggccgggagc tacaccgtca tgcaccttga cctcgctcc 480
ctcgacagcg tccgcccagt cgtggacaac ttccggcgct ccggcatgcc gctcgacgcg 540
ctgggtgtca acgcccaca tctaccggcc gacggcgcgg caaccgacgt tcaacgcccga 600
cggtacgag atagacgtcg gggtaacca cctgggcccac ttcttctcg cccgcctcat 660
gctcgacgac ctcaagaaat ccgactaccc gtgcggcgg ctcatcatcc tcggctccat 720
caccggcaac accaacaccc tgcggcggca cgtccctccc aaggccggc taggcgaccc 780
ccgggggctc gccggcgggc tccggcggca gaacgggtcg gcgtatgtatcg acggcgcgg 840
gagcttcgac ggcgccaagg cgtacaaggc cagcaagatc tgtaacatgc tgacgtatgc 900
ggagttccac cggagattcc acgaggagac cgggatcactc ttgcgtcg tgcgttccc 960
gtgcatcgat acgacgggtc tgttccgcga gcacatccc ctgttccggc tgctgttccc 1020
gccgttccag cggttcgtga cgaagggtt cgtgtcgag gcggagatccg ggaagccggct 1080
ggcgcaggta gttggcgacc cgaggctgac caagtccggc gtgtacttgc gctggaaacaa 1140
ggactcggcg tcgttcgaga accagctctc gcaggagggc agcgacccgg agaaggccag 1200
gaagctctgg gacctcagcg agaagctcg tggcctcgatc tgatgttatt atttacccat 1260
tcgtttcaac ttttttttgc ttcgggtttt agggggtttgc agctttcagt gagagaggcc 1320
tgtcaagtga tgtacaattt gtaattttt tttacccgac aaatcatgca ataaaaccac 1380
aggcttacat tatcgatttg tccacctaaa ttaagt 1416

<210> 37

<211> 1149

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

<223> TC85888 (PRO0133)

<400> 37

tttctacttc	tatcatatcca	aacaaaactag	cttaatttgc	attgcacatcac	attggccggcc	60
gccatgagag	ctctcgctct	cgcgggtggg	gccatggcg	tggtggccgt	gcgcggcgag	120
cagtgcggca	gccaggccgg	cggcgcgctc	tgccccaaact	gcctctgctg	cagccagttac	180
ggctgggtcg	gctccaccc	cgattactgc	ggcgccggct	gccagagcc	gtgtccggc	240
ggctgcggcg	gcggcccgac	cccgccctcc	agcgggtggcg	gcagcggcgt	cgcctccatc	300
atatcgccct	cgctttcga	ccagatgctg	ctccaccgc	acgaccaggc	gtgcgcccgt	360
aagggtttct	acacctacga	cgccttcgtc	gccggccgcca	acgccttaccc	ggacttcgccc	420
accaccggcg	acgcccacac	ctgcaagcgc	gaggtcgccg	ctttcctggc	gcagacgtcc	480
cacgagacca	ccggcggctg	gcccacggcg	cccgacggcc	cctactcctg	gggtactg	540
ttcaaggagg	agaacaacgg	caacgcccc	acatactgcg	agcccaagcc	ggagtggccg	600
tgcggcccg	cgaagaagta	ctacggccgg	ggaccatcc	agatcaccta	caactacaac	660
tacggcccg	gggcaggcat	cggctccgac	ctgctcaaca	acccggac	gtggcgtcg	720
gacgcccagt	tccttcaaga	cggcgttctg	gttctggatg	acgcccgcgt	cgcggcaagcc	780
gtcgtgccac	gcgggtatca	ccggccagtg	gacgcccgtcc	gccgacgacc	aggcggcggg	840
gcgcgttccg	ggctacggcg	agatcaccaa	catcatcaac	ggcgggtgtgg	agtgcgggca	900
cggcggcgac	gacaagggtgg	ccgaccggat	cgggttctac	aagcgctact	gcgcacatgt	960
gggcgtcagc	tatggcgata	acctggattg	ctacaaccag	aggccctacc	cgccttccta	1020
gttggatattt	gatccgagca	gacgaataaa	atacaatgca	cacgagattg	tgagactcg	1080
aaaaacatat	actaccccttg	aattttata	cataatctta	aaacaaaaaa	aaaaaaaaaa	1140
aaaatatac						1149

<210> 38

<211> 981

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> característica nueva

<223> TC84300 (PRO0151)

<400> 38

aagaggcgaag	agcatccgta	ttaaccagcc	ttttgagact	tgagagtgtg	tgtgactcga	60
tccagcgtag	tttcagttcg	tgtgttggtg	agtgattcca	gccaaagtgg	cgatggcttc	120
tcagcaggaa	cgggctagct	accacgcgg	cgagaccaag	gcccgcgccc	aggagaagac	180
ggggcgcata	atgggcacgg	cgcaggagaa	ggcgcgggag	gccaaaggaca	cggcgtccga	240
cgcgcgggg	cgcgcgtatgg	gcaggggaca	cggcgcgaag	gaggcgaacca	aggagaaggc	300
gtacgagacc	aaggacgcga	ccaaggagaa	ggcgtacgag	gcaaaggacg	cggcctccga	360
cgcacccgc	cgcgcatgg	acaagggccc	cggcgcgcg	ggcgcacga	gggacaaggc	420
gtacgatgcc	aaggacaggg	cggctgacac	ggcgcagttc	gccgcgcacc	gcgcgcgcga	480
cggcgcggg	cagaccggg	gctacattgg	acagaccgcc	gaggccgcca	agcagaaagc	540
ggccggcgcc	gcgcgtatcg	ccaaggagac	cgcgatcgcc	ggcaaggaca	agaccggcgc	600
cgtgctccag	caggcagggg	agcaggtgaa	gagcgtggcg	gtggggcgaa	aggacgcggt	660
gatgtacacg	ctcgggatgt	caggcgataa	caagaacaac	gccgctgccc	gcaaggacac	720
cagcacctac	aaggctggaa	ctgggagtga	ctaccagtaa	tacggtagaa	gaagcatgtg	780
tcgtcttgg	cactgatgcc	aaagtgtacg	tgttgtatcc	tcttttttaa	gtttcagctc	840
gacttcgacg	tgttcgggt	cacactttgg	ttttcagtt	gtgctcaact	gttcatgttt	900
ctggttccat	ggagggccag	tgtggaggtc	aatgttaag	ctttcgaaaa	aaaatctgat	960
aataaaqtq	qtttaaqac	q				981

10

<210> 39

<211> 1203

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

5 <223> TC89687 (PRO0169)

<400> 39

tactcctctc tctcacctcc accatcttagc tcactcacac agtctccact cacacgcatt	60
gcagaggaga ggcgacaatg gaggggaagg aggaggacgt gcggctgggg gcgaacaggt	120
actcggagag gcagccata gggacggcgg cgcagggcgc gggggacgac aaggactaca	180
aggagccgcc gcccggccgc tgtcgagcc aggggagctc aagtcgtggt ctttctaccg	240
ggccgggatc gccgagttcg tcgcccaccc cctttccctc tacatcacca tcctcaccgt	300
catgggggtc tccaagtcct cctccaagtg cgccaccgtc ggcattccagg gcatgcctg	360
gtccttcgga ggcatgatct tcgcgtcgt ctactgcacc gccggcatct ccggaggaca	420
catcaaccca gcagttactt ttgggctgtt cttggccagg aagctgtccc tgaccgggc	480
catttctac atagtgtatgc aatgcctagg ggccatctgc ggagctggag ttgtgaaggg	540
cttccagcag ggtctgtaca tggcaatgg cgggtgggcc aatgttagtt ccagtggtta	600
caccaagggt gacggcttgc gtgctgagat tggccacc ttcattccctgg tctacaccgt	660
cttctcagcc actgatgcca agaggaatgc cagggactca catgttccta tccttgcccc	720
actgccaatt gtttttgcgg tggccatgg ccacccatgg accatccccca tcaccggta	780
tggcatcaac ccagccagga gccttggcgc tgccatcatc tacaacaagg accatgcctg	840
gaatgaccat tggatcttct ggggtggcc ctgcgttggc gtcggccctgg ctgccatcta	900
ccaccagggt atcatcaggc cgatcccatt caagagcagg tcttaagccc cgccggccg	960
ctgcgcagcc gacgacatgc aacgcaatcg tggatgtccctg tttccgcgc gctactgctg	1020
cgcacatgtc gattccctct atctctagtc cccaagatgt tttccatc tgaaccctga	1080
acaactcaat cgttaatcc agtactcagt cactgtatgt ttttatgtga tggagatctt	1140
aattcttaag ttatcatctc tggatgtgaa aatccgggtt cctttcgtg catgaaccgc	1200
gcc	1203

<210> 40

<211> 964

10 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC89846 (PRO0170)

15 <400> 40

cccacggttc	cggccacgg	ccgcccacgg	tccgcttctc	ttctctggtg	gtgtgggtgt	60
gtccctgtct	cccccctcct	tcctcctctc	ctttccccc	ctctcttccc	ccctctcaca	120
agagagagag	cggccagactc	tccccaggtg	aggattcagc	catgaagggg	gccaatcca	180
agggcgcgc	caagccgcac	gccaagttgg	ctgtgaagag	taagggcgcg	gagaagcccg	240
ccgccaaggg	caggaagggg	aaggccggca	aggacccaa	caagcccaag	agggctccct	300
ccgctttctt	cgttttatg	gaggagttcc	gtaaggagtt	caaggagaag	aacccaaga	360
ataaatctgt	cgctgctgta	ggaaaagcag	ccgggtatag	gtgaaaatcc	ctgaccgaag	420
cggacaaggc	tccctatgta	gccaaggcca	acaagctcaa	ggccgagttac	aacaaggcca	480
ttgctgccta	caacaaggc	gagagcactg	ccaagaaggc	accgcctaag	gaggaagagg	540
aggacgacga	ggaggaatct	gacaagtcca	agtccgaggt	caatgatgag	gatgacgacg	600
agggcagcga	agaggatgaa	gacgatgacg	agtgagcctt	ccagtggaca	agatgggagc	660
agcaagacgc	taagggcgcc	ggcgctcta	aggagcctat	ccatcatcat	catcgctcac	720
tagaattatt	cagtttact	tcacatcgta	atgtttact	ttttctctcg	tcctataacg	780
gatagcgctc	cttggggcg	ccactggtg	gtgttggtgt	gcagccaatg	tcttgctcc	840
accgtcaatg	atccgcttgt	acctagatta	ctctttccat	tgtcatcgcc	taacattgtg	900
ataatatcag	tttgcgtatg	tttagattaaa	ttgtttctaa	ttccgtcggt	ttcttcttcc	960
ttgc						964

<210> 41

<211> 1542

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC82935 (PRO0171)

<400> 41

cacacacctac	acctcaccac	catcacctcc	tcctcctcct	cctcttcctc	cgcgcgcgcg	60
agatccaggg	agagggagag	ggagagatca	tgccggggac	ggtagcggtg	ccgtcgccgt	120
cgggtccgtc	gacgcccgtg	ctcaaggacg	agctggacat	cgtgatcccg	acgatccgca	180
acctggactt	cctggagatg	tggcggccct	tcttccagcc	ctaccacctc	atcatcgtgc	240
aggacggcga	cccgaccaag	accatccgct	tcccccgggg	cttcgactac	gagctctaca	300
accgcaacga	catcaaccgg	atcctcggcc	ccaaggcctc	ctgcatctcc	ttcaaggact	360
ccgcattgcg	ctgcttcggc	tacatggtct	ccaagaagaa	gtacgtcttc	accatcgacg	420
acgactgctt	cgttgccaag	gaccatctg	gcaaggacat	caatgctctt	gagcagcaca	480
tcaagaacct	cctcagcccg	tccacccctg	tcttcttcaa	cacccgtat	gatccctacc	540
gcgaaggcgc	tgactttgtc	cgtggttacc	ccttcagcct	cagggaggg	gccaaagactg	600
ctgtctctca	cggcctgtgg	cttaacatcc	ctgactatga	tgctcctact	cagatggtca	660
agcctcgtga	gaggaactcc	aggtatgtt	atgctgtcat	gactgtgccc	aagggAACCT	720
tgttccccat	gtgtggcatg	aaccttgctt	ttgaccgtga	tctcatcggt	cctgcaatgt	780
actttggtct	catgggtat	ggccagccta	ttggtcgcta	cgacgacatg	tgggctggat	840
ggtgcataaa	ggtcatactgt	gaccaccta	gcctgggagt	gaagactgga	ctggcgata	900
tctggcacag	caaggcttagc	aacccttcg	tgaacttgaa	gaaggaatac	aaggcatct	960
tctggcaga	ggacatcatc	cccttcttcc	agaacgcccac	catccccaa	gagtgcgaca	1020
ccgtccagaa	gtgctacctc	tccctcgccg	agcaggtcag	ggagaagctc	ggcaagatcg	1080
acccctactt	cgtcaagctt	gccgatgcca	tggtcacctg	gatcgaggcc	tgggatgagc	1140
tgaacccctc	gactgctgt	gtcgagaacg	gcaaggccaa	gtagattgtat	cctggagact	1200
tgtgtgtcgc	aggatggaaa	gtaccctta	agtgaaagt	ttgctgtggc	ctagggcccc	1260
tagatata	tcttttgag	atgaagggag	agattactta	agcaacttta	taattctttg	1320
ttgttatgt	ggttctttg	tagctggaaa	aggattttgtt	atcatcggtt	acataattca	1380
agacaataat	aattttatca	tgtatattt	atagtcgtgc	tttgggttgct	aatgtgttt	1440
attgtattt	ataacctttg	caaatcacta	tacctgttgg	ttgttctgag	aattgtatgc	1500
actaccat	tatatttcta	aatcatttcg	tagcattat	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	cctcctccct	aaccctacg	cttccagaac	cttctcgaaag	60
ctcccgctcc	ccccccccc	ccgctccaaat	ggcgaaggaa	ccgatgcgcg	tgctcgac	120
cggcgccgca	ggacaaattg	gatatgctct	tgtccccatg	attgcttaggg	gtgtgatgtt	180
gggtgtctac	cagcctgtta	ttctacacat	gcttgcacatt	ccaccagcta	ctgaatctct	240
taatggcctt	aagatggagc	tggttgatgc	tgcatttcct	ctttgaagg	gaattgtcgc	300
aacaactgat	gttgggagg	cctgcactgg	tgtgaatgtt	gcggatgg	ttgggggtt	360
ccccaggaag	gaggaaatgg	aaaggaagga	tgttatgtca	aaaaatgtct	ccatctacaa	420

atcccaagct	tctgctcttg	aggctcatgc	agccccta	tgcaaggttc	tggtagttgc	480
caatccagca	aacaccaacg	ctctcatctt	aaaagaattc	gctccatcca	tccctgagaa	540
gaacattact	tgcctcaccc	gtcttgacca	caacaggc	cttggccaga	tctctgaaaa	600
acttaatgtc	caagttactg	atgtgaagaa	tgcgatcatc	tggggcaacc	actcatccac	660
ccagtaccct	gatgtaacc	acgccactgt	gaagactccc	agtggagaga	agcctgtcag	720
ggaactcgtt	gctgatgatg	agtggtaaaa	tacggaattc	atctctaccg	tccagcagcg	780
tggtgccgccc	atcatcaagg	cgaggaagca	atccagtgcc	ctatctgctg	ccagctctgc	840
atgcgatcac	attcgtgact	gggttcttgg	cactcctgag	ggaacatttgc	tctccatggg	900
tgtgtactct	gatggttcgt	atggtgtgcc	tgctggtctg	atctactcgt	tcccagtaac	960
atgcagtgtt	ggcgaatgga	cgattgttca	gggtctcccg	atcgacgagt	tctcaaggaa	1020
gaagatggac	gcgactgccc	aggagctgtc	ggaggagaag	acgctcgctt	actcatgcct	1080
caactaaaaac	taagcaatac	ccagagggac	agatagtgag	cgattgccc	ctcccgtgtt	1140
tttgaataaaa	agagactttt	aagttccatc	acatagaaac	tgtttatctc	agaccgctgc	1200
acatcgcgag	atgtggagcg	cagatgccgt	tgctggtttt	actccagtgt	gtattgaggc	1260
tttgtactag	ctcccttttt	tttgcctggt	gattcgcagg	acatttgctg	aaaacattga	1320
acccatttga	catctgatgg	aatcatggac	cagtagcaag	tacattttg	cgaaagcata	1380
atctgcatcg	ggcttgggct	ggtggttgaa	ctttctgcca	catggccnt	gg	1432

<210> 43

<211> 659

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> característica nueva

<223> TC83646 (PRO0175)

<400> 43

gctaagttag	ctagccactg	atcagaagaa	cacctcgatc	tctgagagtgc	tttttcagc	60
tttagcttaa	gcaggatgga	gcaccagggg	cagcacggcc	acgtgaccag	ccgcgtcgac	120
gagtagccca	acccggtcgg	caccggcgcc	ggacacggcc	agatgggcac	cgccggcatg	180
gggacgcacg	gcaccggccgg	caccggcgcc	ggccagttcc	agccgatgag	ggaggagcac	240
aagaccggcg	gcgtcctgca	acgctccggc	agctccagct	caagctcgtc	tgaggatgat	300
ggaatgggag	ggaggaggaa	gaaggggatc	aaggagaaga	tcaaggagaa	gctcccccggc	360
ggcaacaagg	gcgagcagca	gcatgccatg	gcccggcacc	gcaccggcac	cgccaccggc	420
accggaaaccc	gcggcgccct	cgggcagcag	gcccacggca	ccgggatgac	caccggcacc	480
accggcgac	acggcaccac	caccaccgac	accggcgaga	agaagggcat	catggacaag	540
atcaaggaga	agctgcccgg	ccagcactga	gctcgacaca	ccaccacacc	atgtgtctgc	600
gcccccgcg	accggccca	cgtcaccttc	ctgaataata	agatgagcta	accgagcgc	659

<210> 44

<211> 1310

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> característica nueva

<223> TC90619 (PRO0177)

<400> 44

ggaccagcga	gcaaccagcc	ccccgcccccc	aatggcggca	gaggcagctt	gcccaccgct	60
gccgcctttg	cccacctctc	ctccgattaa	ccccctcccc	tcctcttcct	cccacctctc	120
cgcctcctct	tcctccccc	gccgacccta	cctactcgcg	ccgcccgcgt	cgcattggc	180
ggcaaacgga	gggggggtta	accctgatgg	agcagtaacga	gaaggaggag	aagattgggg	240
agggcacgta	cgggggtggtg	tacagggcgc	gggacaagggt	cacaacgag	acgatcgcbc	300
tcaagaagat	ccggcttgag	caggaggatg	agggcgtccc	ctccaccgca	atccgcgaga	360
tctcgctcct	caaggagatg	catcacggca	acatcgtag	gttacacgat	gttatccaca	420
gtgagaagcg	catatatctt	gtcttgagt	atctggatct	ggacctaag	aagttcatgg	480
actctgtcc	agagttgcg	aaaaacccca	ctttaattaa	gtcatatctc	tatcagatac	540
tccgcggcgt	tgcttactgt	cattctcata	gagttcttca	tcgagatttgc	aaacctcaga	600
atttatttgc	agatcggcgt	actaatgcac	tgaagcttgc	agactttgg	ttagccaggg	660
catttggaa	tcctgtccgc	acgttactc	acgagggtgt	aacctgtgg	tatagagctc	720
cagagatcct	tcttggatca	aggcagtatt	ctacaccagt	tgatatgtgg	tcagttgggt	780
gtatcttgc	agaaatggtg	aaccagaaac	cactgttccc	ttgtgattct	gagattgtg	840
aattattttaa	gatattcagg	gtacttagaa	ctccaaatga	acaaagttgg	ccaggagtt	900
gctcattacc	tgactacaag	tctgcttcc	ccaagtggca	agcacaggat	cttgcacta	960
ttgtccctac	tcttgaccct	gctgggttgg	accttctctc	taaaatgctt	cggtacgagc	1020
caaacaaaag	gatcacagct	agacaggctc	ttgagcatga	atacttcaag	gaccttgaga	1080
ttgtacaatg	accctgctat	ggcttacat	tggattggca	tatgtatggg	ctgggctcct	1140
catttcattc	cttctgtgaa	cgctgtgccc	ttcggttggg	cattttgtc	attcagctgg	1200
atatttcaaa	tcttgtgtgt	ttgatatgt	ttcaggaacg	ctaaatagat	caccgtcttg	1260
gtctctat	gtttagagta	aatatcttcc	aatgctgcct	ttcagtttcc		1310

5 <210> 45

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> prm3780

<400> 45

ggggacaagt	ttgtacaaaaa	aagcaggctt	cgacgctact	caagtgggtgg	gaggc	55
------------	-------------	------------	------------	-------------	-------	----

<210> 46

<211> 55

15 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2768

<400> 46

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

<223> prm2855		
<400> 50		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctc ctagctatat gcagaggttg acagg		55
<210> 51		
5 <211> 53		
<212> ADN		
<213> Secuencia artificial		
<220>		
<223> prm3025		
10 <400> 51		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggcta tggtgccatg tcaataagac atc		53
<210> 52		
<211> 56		
<212> ADN		
15 <213> Secuencia artificial		
<220>		
<223> prm3029		
<400> 52		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctg ttttctatg aaccggcat taaacc		56
20 <210> 53		
<211> 55		
<212> ADN		
<213> Secuencia artificial		
<220>		
25 <223> prm3061		
<400> 53		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctc ctgatggatg atgaatcact gatcg		55
<210> 54		
<211> 57		
30 <212> ADN		

	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3031	
	<400> 54	
5	ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctt cgttaagttt gatgattct gatgacc	57
	<210> 55	
	<211> 53	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
10	<220>	
	<223> prm3051	
	<400> 55	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg ccgcgcgtcg ctgcgttcgt tcg	53
	<210> 56	
15	<211> 58	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3592	
20	<400> 56	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctc gtgttcatgt tcgcatttag gattggac	58
	<210> 57	
	<211> 55	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm5131	
	<400> 57	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctc agatgccaca gtatggtgta ccacc	55

<210> 58
 <211> 56
 <222> ADN
 <223> Secuencia artificial
 5 <220>
 <223> prm3782
 <400>
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt tgcatgtt accaagtaag ctgagc 56

<210> 59
 10 <211> 54
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prm2844
 15 <400> 59
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt ttggcgccgg gcagaagagt ggac 54

<210> 60
 <211> 57
 <212> ADN
 20 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prm2973
 <400> 60
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg cttgagtcat agggagaaaa caaatcg 57

25 <210> 61
 <211> 53
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>

<223> prm3770		
<400> 61		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctc gtcctccttt tgtaacggct cgc		53
<210> 62		
5 <211> 56		
<212> ADN		
<213> Secuencia artificial		
<220>		
<223> prm3772		
10 <400> 62		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctc atgcggctaa tgttagatgct cactgc		56
<210> 63		
<211> 53		
<212> ADN		
15 <213> Secuencia artificial		
<220>		
<223> prm3774		
<400> 63		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctt agtaccattc ttccctcggt agc		53
20 <210> 64		
<211> 53		
<212> ADN		
<213> Secuencia artificial		
<220>		
25 <223> pm3776		
<400> 64		
ggggacaagt ttgtacaaaa aaggcaggctg ttgggttgtt 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 cagctaatac ctagc 55

<210> 68

<211> 57

25 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2769

<400> 68

30 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gtgtagaaaa tcttaacccg aaaaatcg 57

<210> 69

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> prm2421

<400> 69

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gtgaggtgcc gggaaagcga cgttg 55

<210> 70

10 <211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2854

15 <400> 70

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt tcttcttcc ctggaaacta accg 54

<210> 71

<211> 54

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2427

<400> 71

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt gtcgcttta tttggcttgg tgtg 54

25 <210> 72

<211> 56

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

30 <223> prm2856

<400> 72		
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc tctagctcga tctctttgc 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 tttgttaggat tctactacta tgcttcaac		59
<210> 75		
20 <211> 62		
<212> ADN		
<213> Secuencia artificial		
<220>		
<223> prm3062		
25 <400> 75		
ggggaccact ttgtacaaga aagctggta ttgtgtaaat atttctattg tccagtaatc		60
ac		62
<210> 76		
<211> 54		
<212> ADN		

	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3032	
	<400> 76	
5	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atggcagagt taatttagcaa 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 aagctgggtt ggtgtgagtg tttgagttt gagtgagc 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

	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt 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 aagctgggtt ggagcgaaag gggggggggga gc	52
25	<210> 87	
	<211> 57	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	

ES 2 375 923 T3

<223> prm3801
<400> 87
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actctcagag atcgaggtgt tcttctg 57
<210> 88
5 <211> 52
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm5136
10 <400> 88
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcccccgcagct cgcccccgtc 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
 - 10 d. un ácido nucleico aislado como el definido en cualquiera de los ítems (a) hasta (c), que está interrumpido por una secuencia intervintente; o
 - 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 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.
- 35 11. Una planta transgénica que comprende una célula de una planta transgénica como se define en la reivindicación 9 ó 10.
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.
- 40 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

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.

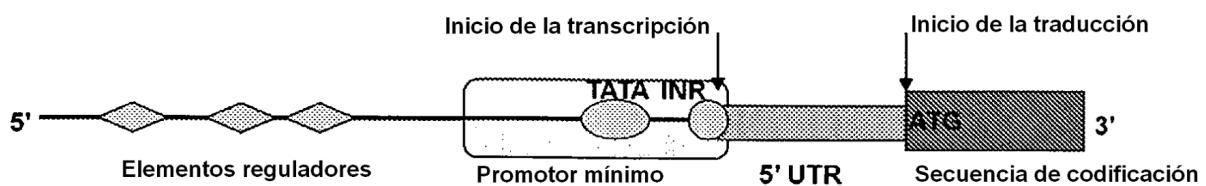


FIGURA 1

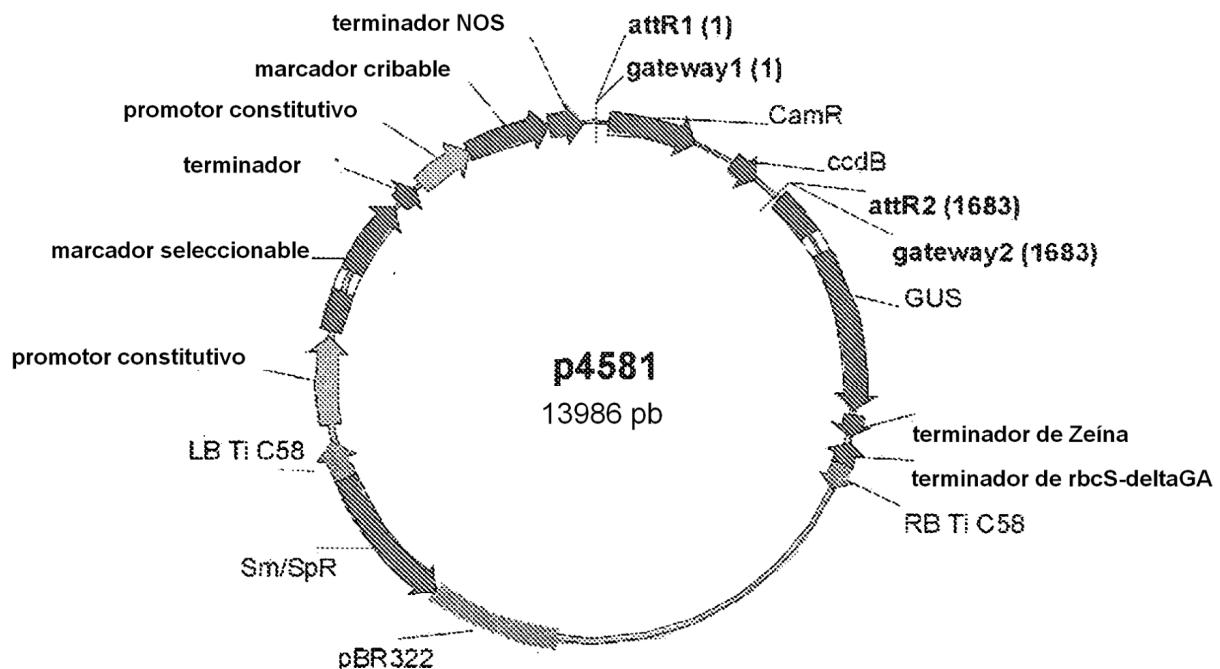


FIGURA 2

PRO0110 RCC3

planta C

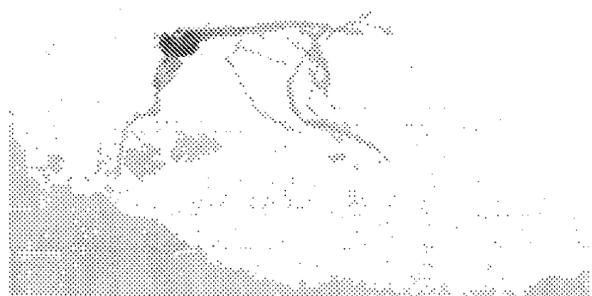


FIGURA 3

PRO0005 beta-amilasa putativa

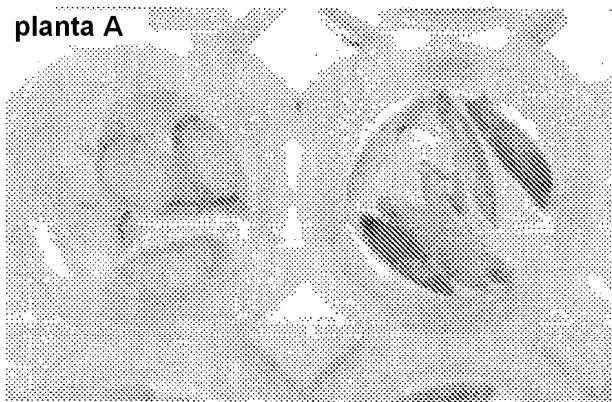


FIGURA 4

PRO0009 celulosa sintasa putativa

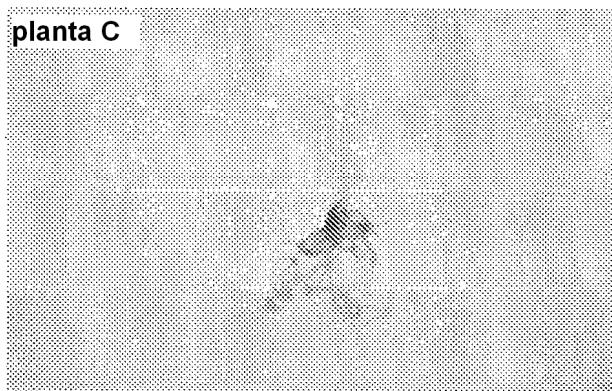


FIGURA 5

PRO058 inhibidor Rgpi9 de proteinasa

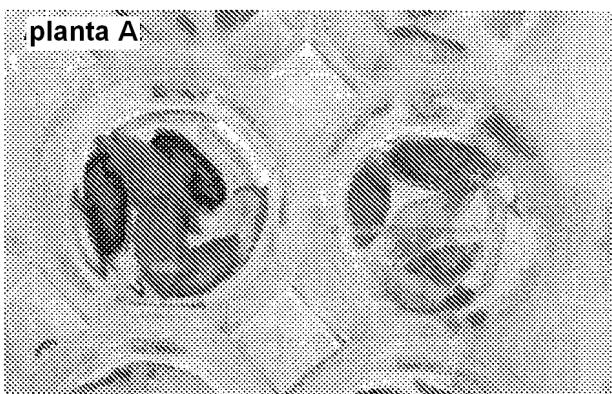
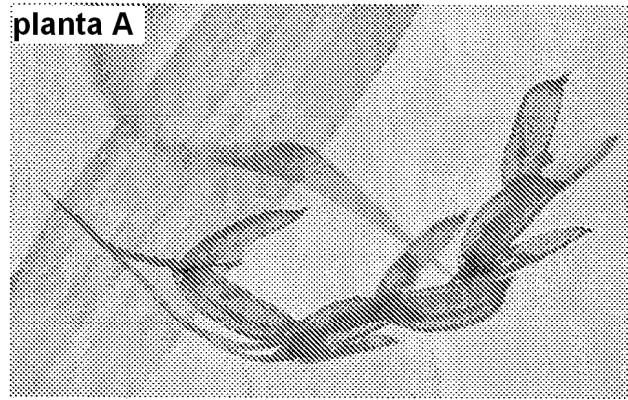


FIGURA 6

PRO061 beta-expansina EXPB9

A planta A



B planta B



C planta C

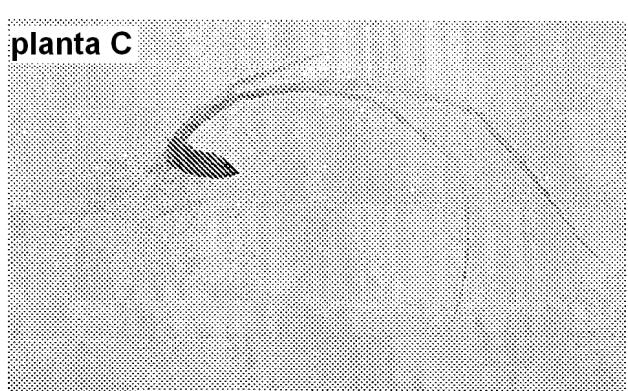


FIGURA 7

PRO0063 proteína estructural

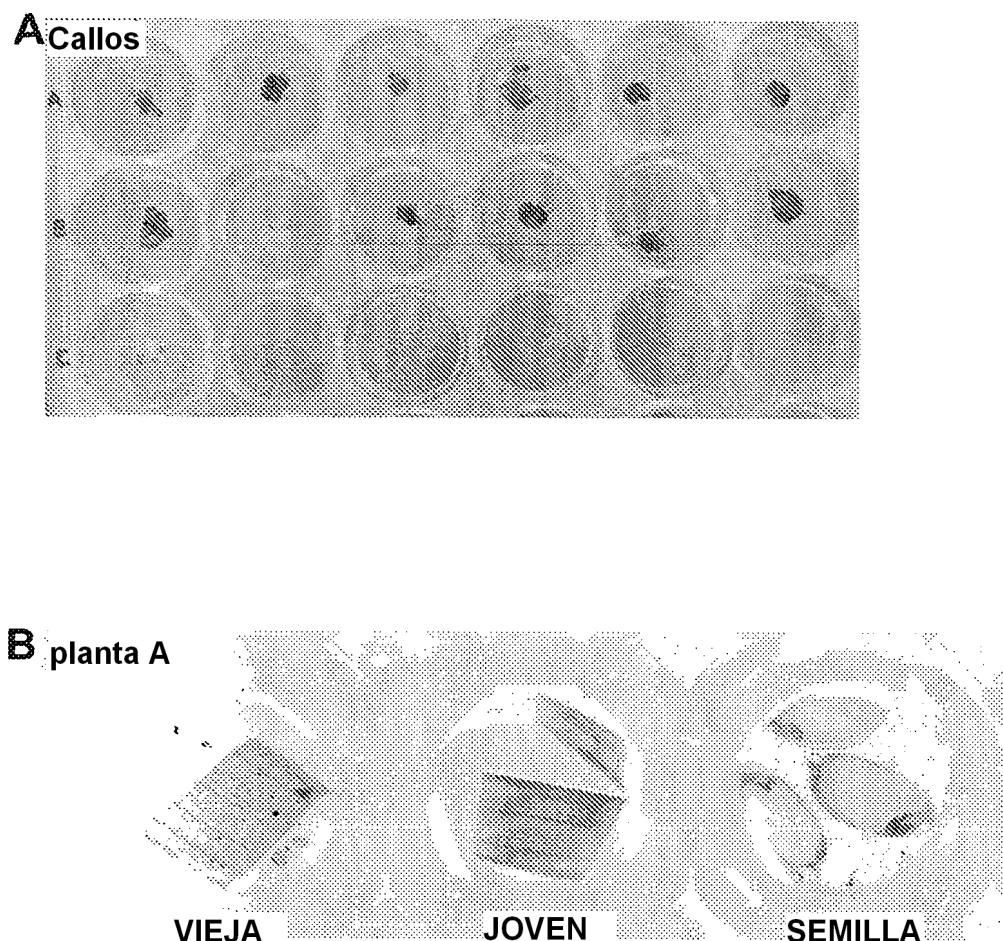


FIGURA 8

PRO0081 cafeoil CoA 3-O-metiltransferasa putativa

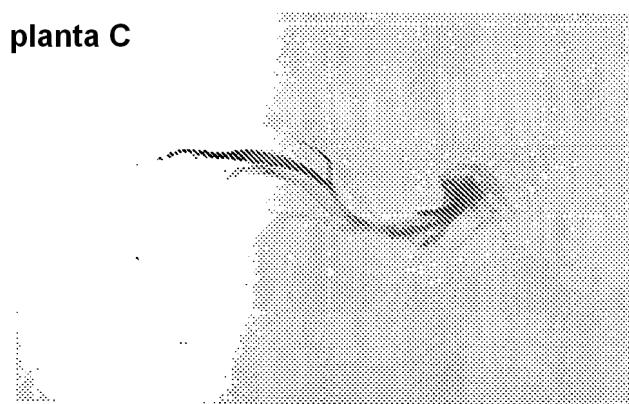


FIGURA 9

PRO0091 prolamina RP5

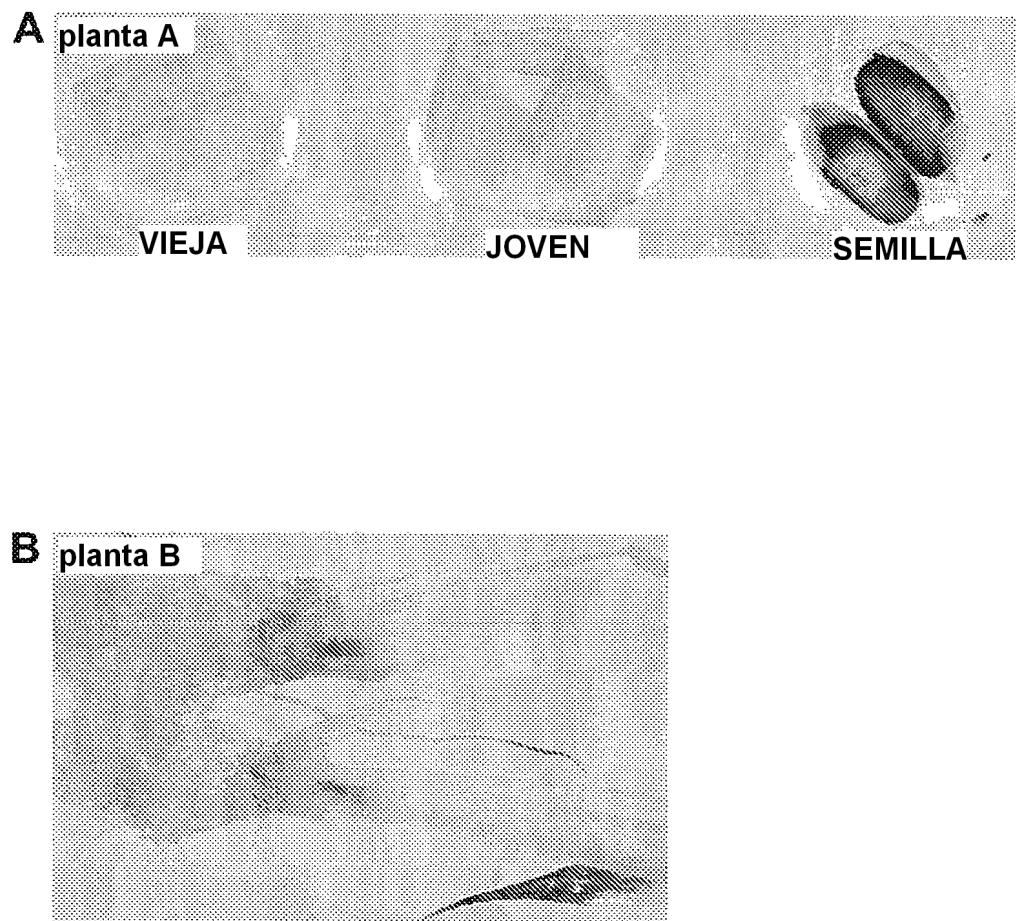


FIGURA 10

PRO0095 metionina aminopeptidasa putativa

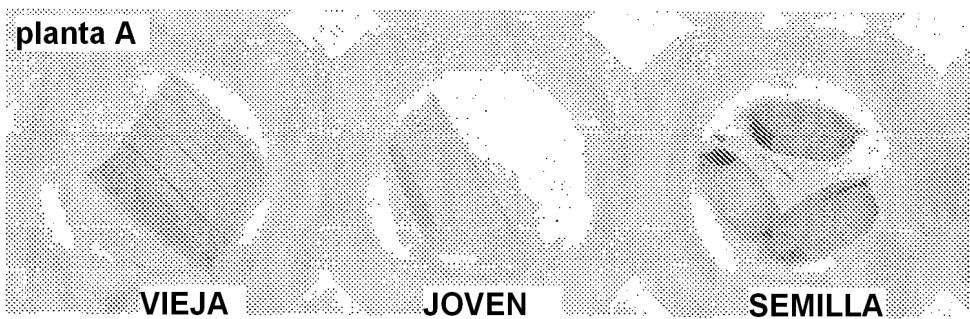


FIGURA 11

PRO0111 proteína como la uclacianina 3

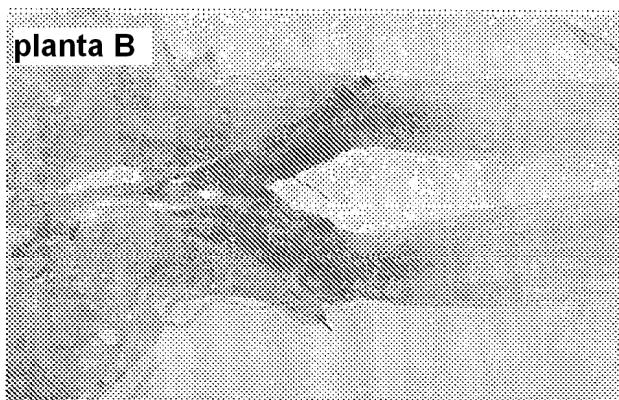


FIGURA 12

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

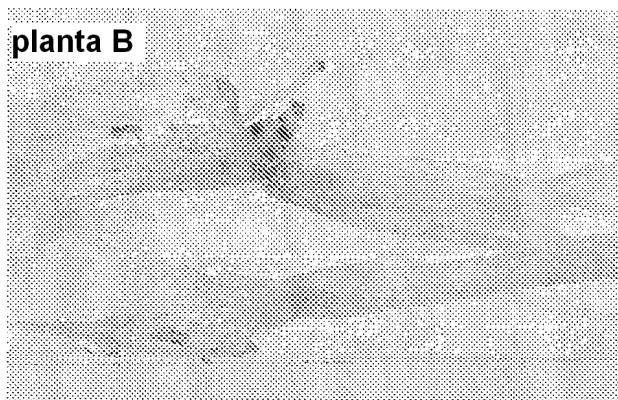


FIGURA 13

PRO0117 proteína ribosomal 40S putativa

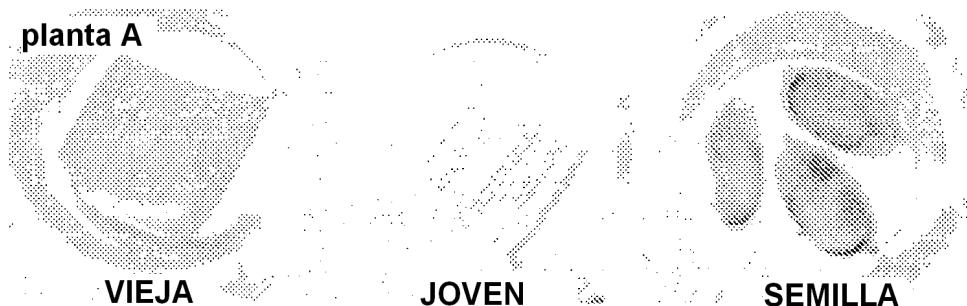


FIGURA 14

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

planta C

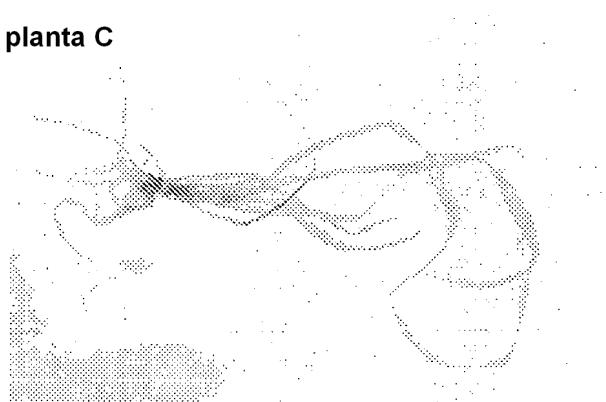


FIGURA 15

PRO0123 protoclorofilido reductasa putativa

planta B

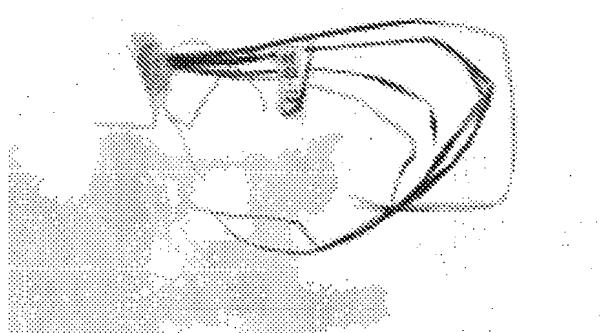


FIGURA 16

PRO0133 quitinasa Cht-3

planta B

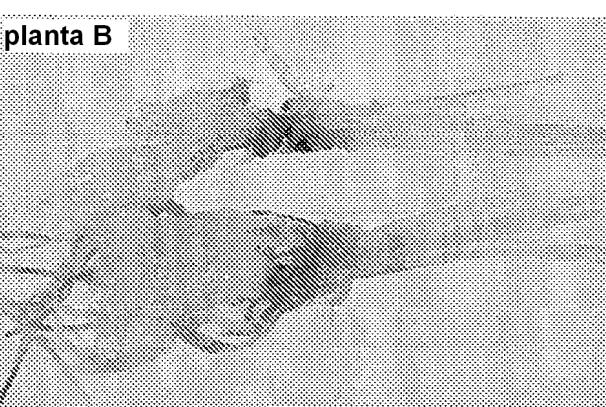
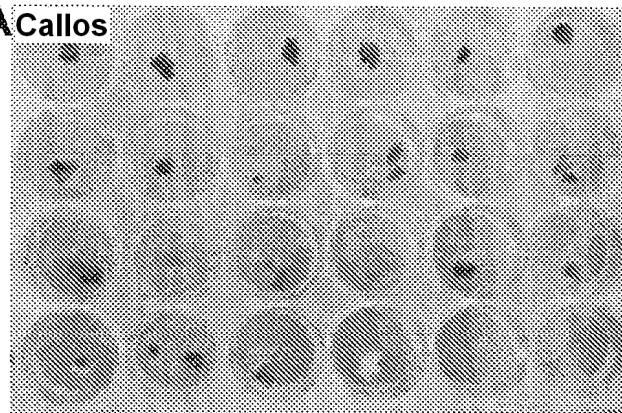


FIGURA 17

PRO0151 WSI18

A Callos



B Semilla

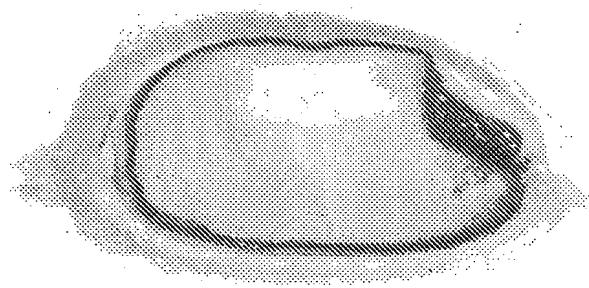


FIGURA 18

PRO0169 acuaporina

planta C

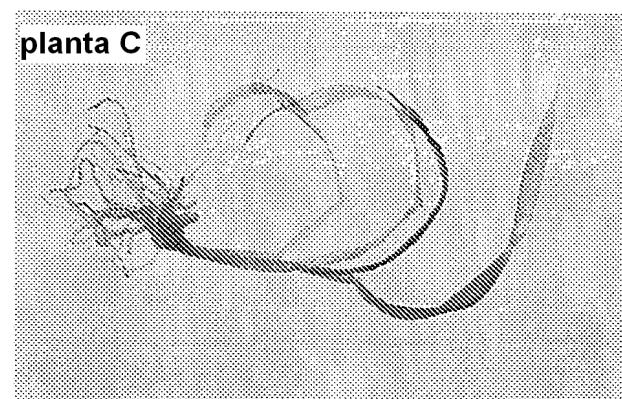
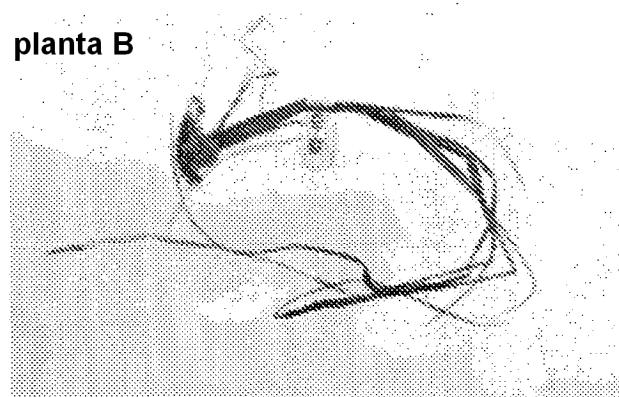


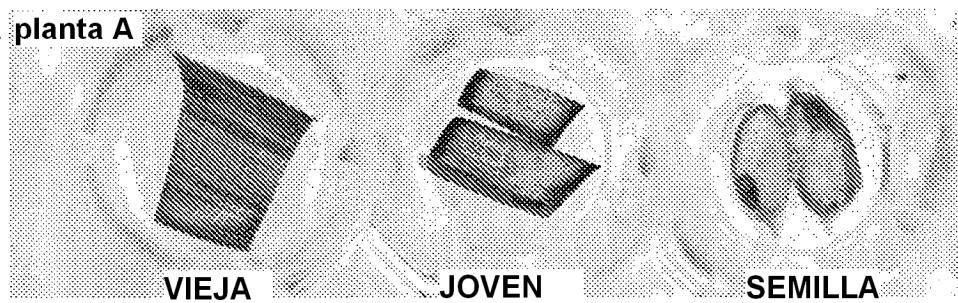
FIGURA 19

PRO0170 proteína del grupo de alta movilidad

A planta B



B planta A



C Callos

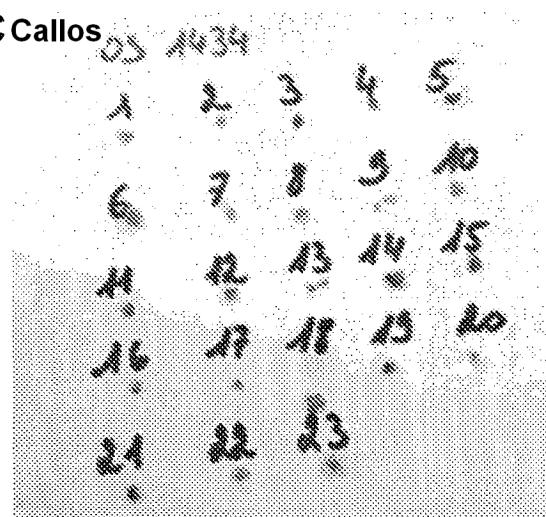


FIGURA 20

PRO0171 proteína RGP1 glicosilada en forma reversible

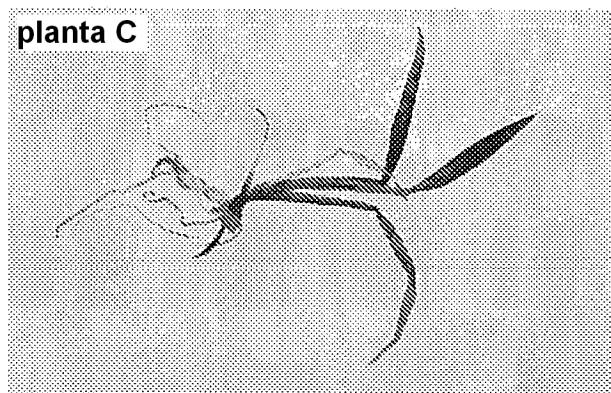


FIGURA 21

PRO0173 MDH citosólico

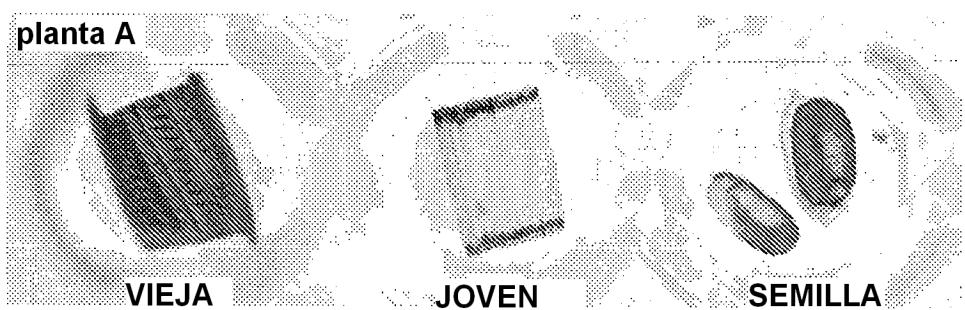
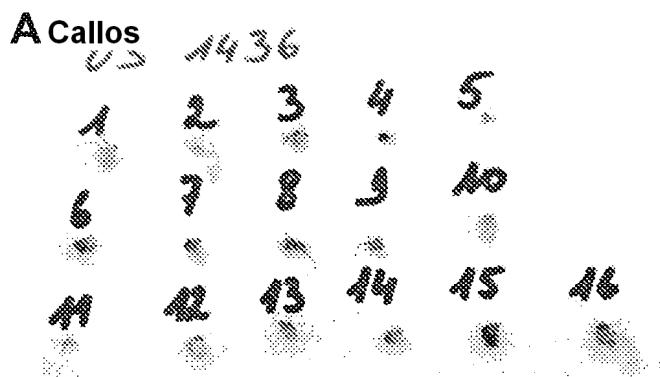


FIGURA 22

PRO0175 RAB21



B Semilla

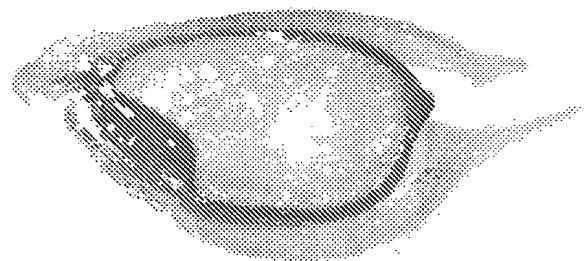


FIGURA 23

PRO0177 Cdc2-1

planta C



FIGURA 24