

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 378 157**

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

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 96 Número de solicitud europea: **07105544 .6**
- 96 Fecha de presentación: **04.02.2004**
- 97 Número de publicación de la solicitud: **1801223**
- 97 Fecha de publicación de la solicitud: **27.06.2007**

54 Título: **Promotores de arroz**

30 Prioridad:
04.02.2003 EP 03075331

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
09.04.2012

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
09.04.2012

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

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

74 Agente/Representante:
Carvajal y Urquijo, Isabel

ES 2 378 157 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 la biología molecular de plantas, más particularmente con secuencias de ácido nucleico útiles para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa en plantas. Se describe el aislamiento de estas secuencias de ácido nucleico de arroz, así como también su uso en dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa. La presente invención por lo tanto se relaciona con promotores, promotores híbridos, construcciones genéticas, casetes de expresión, vectores de transformación, vectores de expresión, células anfitrionas y plantas transgénicas que comprenden los ácidos nucleicos aislados de acuerdo con la presente invención. La presente invención también se relaciona con métodos para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico y métodos para la producción de plantas transgénicas.

La expresión génica es dependiente del inicio de la transcripción, que está mediado a través del complejo de inicio de transcripción. La expresión génica también es dependiente de la regulación de la transcripción, que determina qué tan fuerte, cuándo o dónde se expresa un gen. Dicha regulación de la expresión génica se puede mediar a través de elementos de control transcripcionales, que se embeben de manera general en la zona de flanco 5' de la secuencia de ácido nucleico o la dirección 5' del gen expresado. Esta región de ácido nucleico en la dirección 5' se refiere frecuentemente a un "promotor" debido a que esto promueve la unión, formación y/o activación del complejo de inicio de transcripción y por lo tanto es capaz de dirigir y/o regular la expresión de la secuencia de ácido nucleico en la dirección 3'.

La ingeniería genética de las plantas con la ayuda de obtener un fenotipo de planta útil, frecuentemente involucra la expresión génica heteróloga, que está mediada de manera general por un promotor capaz de dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico heterólogo ligado en forma operativa. El fenotipo de la planta anfitriona solo depende de la contribución del ácido nucleico heterólogo, pero también en la contribución del patrón de expresión específico del promotor seleccionado que determina cómo, donde y cuando se expresa el ácido nucleico heterólogo. De acuerdo con lo anterior, la elección del promotor con un patrón de expresión adecuado es de importancia crucial para obtener el fenotipo adecuado. Una persona experta en la técnica necesitará tener diferentes promotores disponibles, para determinar el promotor óptimo para un ácido nucleico particular. Para muchas plantas anfitrionas diferentes, esta disponibilidad se limita y por lo tanto existe una necesidad continua para proporcionar nuevos promotores con diversos perfiles de expresión. Los ácidos nucleicos cuando se presentan en la SEQ ID NO 5 se aíslan de *Oryza sativa* y se ha encontrado que son capaces de dirigir y regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa; también se ha caracterizado su patrón de expresión. Por lo tanto la presente invención ofrece una colección de los ácidos nucleicos aislados hasta ahora desconocidos, cuyos ácidos nucleicos aislados son útiles como promotores.

De acuerdo con lo anterior, la presente invención proporciona un promotor aislado capaz de dirigir y/o regular la expresión en tejido joven de una planta, que comprende:

- (a) un ácido nucleico aislado como se da en la SEQ ID NO 5 o el complemento de la SEQ ID NO 5; o
- (b) un ácido nucleico aislado como se define en (a), que se interrumpe por una secuencia de intervención; o
- (c) un fragmento del ácido nucleico como se define en (a) o (b), cuyo fragmento es capaz de dirigir y/o regular la expresión específica del tejido joven o
- (d) un ácido nucleico aislado que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con la secuencia de ADN como se da en la SEQ ID NO 5.

El término "aislado" como se utiliza aquí significa que se retira de su fuente original. Preferiblemente, el promotor "aislado" está libre de secuencias (tales como secuencias que codifican la proteína u otras secuencias en el extremo 3') que flanquea en forma natural el promotor en el ADN genómico del organismo del que se deriva el promotor. Adicionalmente preferiblemente, el promotor "aislado" también está libre de las secuencias que flanquean en forma natural en el extremo 5'. Adicionalmente preferiblemente, el promotor "aislado" puede comprender menos de aproximadamente 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1.5 kb, 1.2 kb, 1 kb, 0.8 kb, 0.5 kb o 0.1 kb de las secuencias de nucleótido que ocurren en forma natural con el promotor en ADN genómico del organismo del que se deriva el promotor.

La presente invención no está limitada al ácido nucleico como se presenta por la SEQ ID NO 5. Una persona experta en la técnica reconocerá que pueden ocurrir variantes o fragmentos de un ácido nucleico, mientras se mantiene la misma funcionalidad. Estas variantes o fragmentos se pueden hacer por el hombre (por ejemplo mediante ingeniería genética) o puede aún ocurrir en la naturaleza. Por lo tanto la presente invención se extiende a ácidos nucleicos

variantes y fragmentos de la SEQ ID NO 5, cuyas variantes o fragmentos son útiles en los métodos de la presente invención. Tales variantes y fragmentos incluyen:

(a) un ácido nucleico aislado como se da en la SEQ ID NO 5 o el complemento de la SEQ ID NO 5; o

(b) un ácido nucleico aislado como se define en (a), que se interrumpe por una secuencia de intervención; o

5 (c) un fragmento de los ácidos nucleicos como se define en (a) o (b), cuyo fragmento es capaz de dirigir y/o regular la expresión específica del tejido joven, o

(d) un ácido nucleico aislado que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de ADN como se da en una cualquiera de la SEQ ID NO 5.

10 Las variantes adecuadas de la SEQ ID NO 5 abarcan homólogos que tiene un orden aumentado de preferencia por lo menos 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad de secuencia con uno cualquiera de los ácidos nucleicos como se representa en la SEQ ID NO 5.

15 El porcentaje de identidad se puede calcular utilizando un programa de alineación. Preferiblemente se puede utilizar un programa de alineación global en forma de par, que implementa el algoritmo de Needleman-Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443-453, 1970). Este algoritmo maximiza el número de coincidencias y minimiza el número de espacios. Tales programas son por ejemplo GAP, Needle (paquete EMBOSS), stretcher (paquete EMBOSS) o Align X (Vector NTI suite 5.5) y pueden utilizar los parámetros estándar (por ejemplo penalidad de abertura de espacio 15 y penalidad de extensión de espacio 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 matcher (paquete EMBOSS). "Identidad de secuencia" como se utiliza aquí se calcula preferiblemente sobre la longitud completa de los promotores como se representa por la SEQ ID NO 5. La longitud de este promotor se presenta en la Tabla 2.

25 La búsqueda e identificación de ácidos nucleicos homólogos, estaría dentro del ámbito de una persona experta en la técnica. Tales métodos, involucran la detección de las bases de datos de secuencia con las secuencias proporcionadas por la presente invención, por ejemplo de la SEQ ID NO 5, preferiblemente en una forma legible por computador. Las bases de datos de secuencia útiles, incluyen pero no se limitan a Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/web/Genbank>), la Base de datos de ácido Nucleico European Molecular Biology Laboratory (EMBL) (<http://w.ebi.ac.uk/ebi-docs/embl-db.html>) o versiones de las mismas, o la base de datos MIPS (<http://mips.gsf.de/>). Se conocen bien en la técnica diferentes algoritmos de búsqueda y software para la alineación y comparación de las secuencias. Tal software incluye, por ejemplo GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. Preferiblemente se utiliza el software BLAST, que calcula el porcentaje de identidad de secuencia y realiza un análisis estadístico de la similitud entre las secuencias. Los programas adecuados denominados como programas BLAST tienen 5 diferentes implementaciones: tres designadas para la consulta de secuencia de nucleótido (BLASTN, BLASTX, y TBLASTX) y dos designadas para la consulta de secuencia de proteína (BLASTP y TBLASTN) (Coulson, Trends in Biotechnology: 76-80, 1994; Birren et al., GenomeAnalysis, 1: 543, 1997). El software para realizar análisis BLAST está públicamente disponible a través del Centro Nacional para la Información Biotecnológica.

35 Las secuencias del genoma de Arabidopsis thaliana y el genoma de Oryza sativa ahora están disponibles en las bases de datos públicas tales como Genbank. Otros genomas se secuencian actualmente. Por lo tanto, se espera que como más secuencias de los genomas de otras plantas llegan a estar disponibles, pueden ser identificables promotores homólogos mediante alineación de secuencia con SEQ ID NO 5. La persona experta será fácilmente capaz de encontrar promotores homólogos de otras especies de planta, por ejemplo de otras plantas de cultivo, tales como maíz. Los promotores homólogos de otras plantas de cultivo son especialmente útiles para practicar los métodos de la presente invención en plantas de cultivo.

45 Un ejemplo de los homólogos que tienen por lo menos 90 % de identidad de secuencia con la SEQ ID NO 5 son variantes alélicas de SEQ ID NO 5. Las variantes alélicas son variantes del mismo gen que ocurre en dos individuos diferentes de la misma especie y usualmente variantes alélicas que difieren mediante cambios ligeros de secuencia. Las variantes alélicas pueden abarcar Polimorfismos de Nucleótido Único (SNP) así como también Polimorfismos de Inserción/Eliminación Pequeños (INDEL). El tamaño de los INDEL es usualmente menos de 100 bp. Los SNP e INDEL forman el conjunto más grande de variantes de secuencia en cepas polimórficas que ocurren en forma natural de la mayor parte de organismos.

50 Los homólogos adecuados para uso en los métodos de acuerdo con la invención se pueden aislar fácilmente de su organismo fuente por medio de la técnica de PCR o hibridación. Su capacidad de dirigir y/o regular la expresión se puede determinar fácilmente, por ejemplo, mediante los siguientes métodos descritos en la sección de Ejemplos al sustituir simplemente la secuencia utilizada en el Ejemplo actual con el homólogo.

Otra variante de la SEQ ID NO 5 abarcada por la presente invención son los ácidos nucleicos que corresponden a la SEQ ID NO 5 o variantes de los mismos como se describió aquí anteriormente, que se interrumpen por una secuencia de intervención. Por ejemplo, la SEQ ID NO 5 se puede interrumpir por una secuencia de intervención. Con "secuencias de intervención" significa cualquier ácido nucleico o nucleótido, que interrumpen otra secuencia. Ejemplos de las secuencias de intervención comprenden intrones, etiquetas de ácido nucleico, T-ADN y secuencias de ácidos nucleicos movilizables tales como transposones o ácidos nucleicos que se pueden movilizar mediante recombinación. Ejemplos de transposones particulares comprenden Ac A (activador), Ds (Disociación), Spm (supresor-Mutador) o En. La introducción de los intrones en los promotores ahora se aplica ampliamente. Los métodos de acuerdo con la presente invención también se pueden practicar utilizando una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la SEQ ID NO 5 proporcionada con un intrón. En el caso de que la secuencia de intervención sea un intrón, pueden surgir variantes de corte y empalme alternativa de los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención. El término "variante de corte y empalme alternativa" como se utiliza aquí abarca variantes de una secuencia de ácido en la que intervienen intrones se han cortado, reemplazado o agregado. Tales variantes de corte y empalme se pueden encontrar en la naturaleza o se pueden hacer por el hombre. Los métodos para elaborar tales promotores con un intrón o para hacer las variantes de corte y empalme correspondientes son bien conocidos en la técnica.

Las variantes interrumpidas por una secuencia de intervención, adecuadas para uso en los métodos de acuerdo con la invención se pueden determinar fácilmente por ejemplo mediante los siguientes métodos descritos en la sección de Ejemplos al sustituir simplemente la secuencia utilizada en el Ejemplo actual con la variante.

Los ácidos nucleicos variantes como se describió aquí anteriormente se pueden encontrar en la naturaleza (por ejemplo variantes alélicas o variantes de corte y empalme). Adicionalmente y/o alternativamente, las variantes de la SEQ ID NO 5 como se describió aquí anteriormente se pueden hacer por el hombre por medio de técnicas bien conocidas en el arte que implican por ejemplo mutación, sustitución, inserción, eliminaciones o derivación. La presente invención también abarca tales variantes, así como también su uso en los métodos de la presente invención.

Una "variante de mutación" de un ácido nucleico se puede hacer fácilmente utilizando técnicas de manipulación de ADN recombinante o síntesis de nucleótido. Ejemplos de tales técnicas incluyen mutagenia dirigida a sitio por medio de mutagenia M13, mutagenia T7-Gen in vitro (USB, Cleveland, OH), mutagenia Dirigida a Sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagenia dirigida a sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagenia dirigida a sitio. Alternativamente, el ácido nucleico de la presente invención se puede mutar aleatoriamente.

Una "variante de sustitución" se refiere a aquellas variantes en las que por lo menos un residuo en la secuencia de ácido nucleico se ha retirado y un residuo diferente insertado en su lugar. Las sustituciones de ácido nucleico son típicamente de residuos únicos, pero se pueden agrupar dependiendo de las restricciones funcionales puestas en la secuencia de ácido nucleico; las inserciones usualmente son del orden de aproximadamente 1 a aproximadamente 10 residuos de ácido nucleico, y las eliminaciones pueden variar de aproximadamente 1 a aproximadamente 20 residuos.

Una "variante de inserción" de un ácido nucleico es una variante en la que uno o más residuos de ácido nucleico se introducen en un sitio predeterminado en este ácido nucleico. Las inserciones pueden comprender fusiones de terminal 5' y/o de terminal 3' así como también inserciones de intra-secuencia de múltiples nucleótidos o un único nucleótido. De manera general, las inserciones dentro de la secuencia de ácido nucleico serán más pequeñas que las fusiones de terminal 5' o 3', del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos. Ejemplos de las fusiones de terminal 5' o 3' incluyen las secuencias codificantes de los dominios de unión o los dominios de activación de un activador transcripcional como se utiliza en el sistema de dos híbridos de levadura o un sistema de un híbrido de levadura, o de proteínas cubiertas con fago, etiqueta (histidina)₆, etiqueta glutatona S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, epítipo Tag*100, epítipo c-myc, epítipo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión calmodulina), epítipo HA, epítipo de la proteína C y epítipo VSV.

El término "derivado" de un ácido nucleico puede comprender sustituciones, y/o eliminaciones y/o adiciones de residuos de ácido nucleico que ocurren en forma natural o no natural comparado con el ácido nucleico natural. Los derivados, por ejemplo, pueden comprender nucleótidos metilados, o nucleótidos artificiales.

También se abarcan con la presente invención promotores, que comprende un fragmento de la SEQ ID NO 5 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 por lo menos una de las partes funcionales del promotor y por lo tanto son aún capaces de dirigir y/o regular la expresión específica del tejido joven. Ejemplos de fragmentos funcionales de un promotor incluyen el promotor mínimo, los elementos reguladores en la dirección 5', o cualquier combinación de los mismos.

Los fragmentos adecuados pueden variar de por lo menos aproximadamente 20 pares base o aproximadamente 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950 o 1000 pares base, hasta aproximadamente la secuencia de longitud completa de la invención. Estos pares base están típicamente inmediatamente en la dirección 5' del inicio de la transcripción, pero alternativamente puede estar en cualquier parte en la secuencia promotora.

Los fragmentos adecuados útiles en los métodos de la presente invención se pueden probar por su capacidad de controlar y/o regular la expresión específica del tejido joven mediante técnicas estándar bien conocidas por la persona experta, o mediante el siguiente método descrito en la sección de Ejemplos.

El promotor como se describe en la SEQ ID NO 5 se aísla como ácido nucleico de aproximadamente 1.2kb de la región en la dirección 5' de las secuencias codificantes de arroz particular (CDS). Este ácido nucleico puede incluir elementos típicos de un promotor, que se presentan en la Figura 1. De manera general, un promotor puede comprender de la secuencia codificante hasta la dirección 5': (i) un 5'UTR del ARN pre-mensajero, (ii) un promotor mínimo que comprende el elemento de inicio de transcripción (INR) y más en la dirección 5' una caja TATA, y (iii) puede contener elementos reguladores que determinan el patrón de expresión específico del promotor.

El término "promotor" como se utiliza aquí se toma en un amplio contexto y se refiere a las secuencias de ácido nucleico reguladoras capaces de efectuar (controlar y/o regular) la expresión de las secuencias a las que se ligan en forma operativa. Un "promotor" abarca secuencias reguladoras transcripcionales derivadas de un gen genómico clásico. Usualmente un promotor comprende una caja TATA, que es capaz de dirigir el complejo de inicio de transcripción al sitio de inicio de transcripción apropiado. Sin embargo, algunos promotores no tienen una caja TATA (menos promotores TATA), pero aún son completamente funcionales para dirigir y/o regular la expresión. Un promotor puede comprender adicionalmente una secuencia de caja CCAAT y elementos reguladores adicionales (es decir secuencias de activación en la dirección 5' o elementos cis tales como promotores e inhibidores). Un "promotor" también puede incluir las secuencias reguladoras transcripcionales de un gen procariótico clásico, en cuyo caso este puede incluir una secuencia de caja -35 y/o las secuencias reguladoras transcripcionales de caja -10.

"Conducir la expresión" como se utiliza aquí significa promover la transcripción de un ácido nucleico.

"Regular la expresión" como se utiliza aquí significa influenciar el nivel, tiempo o lugar de transcripción de un ácido nucleico. Los promotores de la presente invención así se pueden utilizar para aumentar, reducir o cambiar en tiempo y/o sitio de transcripción de un ácido nucleico. Por ejemplo, estos se pueden utilizar para limitar la transcripción a ciertos tipos celulares, tejidos u órganos, o durante un cierto periodo, o en respuesta a ciertas condiciones ambientales.

El promotor es preferiblemente un promotor que puede expresar la planta. El término "que puede expresar la planta" significa que es capaz de regular la expresión en una planta, célula de planta, tejido de planta y/o órgano de planta. De acuerdo con lo anterior, la invención abarca un ácido nucleico aislado como se mencionó anteriormente, capaz de regular la transcripción de un ácido nucleico ligado en forma operativa en una planta o en una o más células particulares, tejidos u órganos de una planta.

Se estudian en detalle el patrón de expresión de los promotores de acuerdo con la presente invención y se encuentra que muchos de estos son específicos de tejido. De acuerdo con lo anterior, la presente invención proporciona promotores "específicos de tejido". El término "específico de tejido" se toma para indicar que la expresión está predominantemente en un tejido particular, tipo de tejido, órgano o cualquier otra parte del organismo, aunque no necesariamente exclusivo en dicho tejido, tipo de tejido, órgano u otra parte. De acuerdo con lo anterior, la invención abarca un ácido nucleico aislado como se mencionó anteriormente, capaz de dirigir y/o regular la expresión (de un ácido nucleico ligado en forma operativa) en una forma específica de tejido. La expresión se puede dirigir y/o regular en la semilla, embrión, escutelo, aleurona, endospermo, hojas, flores, callos, meristema, meristema de brote, centro discriminatorio, brote, meristema de brote y raíz. En pastos el meristema de brote se ubica en la así llamada zona de discriminación de donde se originan el brote y las hojas.

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

Alternativamente y/o adicionalmente, algunos promotores de la presente solicitud exhibe un patrón de expresión constitutivo. De acuerdo con lo anterior, la presente solicitud proporciona un promotor como se describió aquí

anteriormente, que es un promotor constitutivo. El término "constitutivo" significa que no tiene o tiene muy pocas regulaciones temporales o espaciales. El término "expresión constitutiva" como se utiliza aquí se refiere a una expresión sustancialmente continua en sustancialmente todos los tejidos del organismo. El experto entenderá que un "promotor constitutivo" es un promotor que es activo durante la mayoría, pero no necesariamente todas, las fases de crecimiento y el desarrollo del organismo y a través de la mayoría, pero no necesariamente todas, las partes de un organismo.

El "patrón de expresión" de un promotor no solo está influenciado por los aspectos espaciales y temporales, sino también por el nivel de expresión. El nivel de expresión se determina por la así llamada "resistencia" de un promotor. Dependiendo del nivel de expresión resultante, se hace aquí una distinción entre promotores "débiles" o "fuertes". De manera general "promotor débil" significa un promotor que dirige la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa a los niveles de aproximadamente 1/10000 transcritos a aproximadamente 1/100000 transcritos a aproximadamente 1/500000 transcritos. De manera general, "promotor fuerte" significa un promotor que dirige la expresión en niveles de aproximadamente 1/10 transcritos, a aproximadamente 1/100 o a aproximadamente 1/1000 transcritos.

De acuerdo con una realización particular, la invención proporciona un promotor aislado como se mencionó aquí anteriormente, que es un promotor híbrido. El término "promotor híbrido" como se utiliza aquí se refiere a un promotor quimérico hecho, por ejemplo, sintéticamente, por ejemplo mediante ingeniería genética. Los promotores híbridos preferidos de acuerdo con la presente invención comprenden una parte, preferiblemente una parte funcional, de uno de los promotores de acuerdo con la presente invención y por lo menos otra parte, preferiblemente una parte funcional de un promotor. La última parte, puede ser una parte de cualquier promotor, que incluye uno cualquiera de los promotores de acuerdo con la presente invención y otros promotores. Un ejemplo de un promotor híbrido comprende los elementos reguladores de un promotor de acuerdo con la presente invención combinados con el promotor mínimo de otro promotor. Otro ejemplo de un promotor híbrido es un promotor que comprende elementos reguladores adicionales para mejorar adicionalmente su actividad y/o para alterar su patrón de expresión espacial y/o temporal.

La presente invención también proporciona uso de un fragmento funcional de la SEQ ID NO 5 o variante del mismo para cambiar el patrón de expresión de un promotor. En tales métodos, por lo menos parte de cualquiera de los ácidos nucleicos de acuerdo con la presente invención se combina con por lo menos un fragmento de otro promotor.

Adicionalmente, la invención proporciona una construcción genética que comprende:

(a) Un promotor aislado como se definió aquí anteriormente

(b) Una secuencia de ácido nucleico heteróloga ligada en forma operativa al promotor aislado de (a), y opcionalmente

(c) Un terminador de transcripción 3'

El término "construcción genética" como se utiliza aquí significa un ácido nucleico hecho mediante ingeniería genética.

El término "ligado en forma operativa" a un promotor como se utiliza aquí significa que la transcripción se dirige y/o regula por este promotor. Una persona experta en la técnica entenderá que se liga en forma operativa a un promotor preferiblemente significa que el promotor se posiciona en la dirección 5' (es decir al extremo 5') del ácido nucleico ligado en forma operativa. La distancia en el ácido nucleico ligado en forma operativa puede ser variable, mientras que el promotor de la presente invención es capaz de dirigir y/o regular la transcripción del ácido nucleico ligado en forma operativa. Por ejemplo, entre el promotor y el ácido nucleico ligado en forma operativa, puede ser un sitio de clonación, un adaptador, un mejorador de transcripción o traducción.

El ácido nucleico ligado en forma operativa puede ser cualquier ácido nucleico codificante o no codificante. El ácido nucleico ligado en forma operativa puede estar en la dirección codificante o anticodificante. Típicamente en el caso de ingeniería genética de células anfitrionas, el ácido nucleico ligado en forma operativa se introduce dentro de la célula anfitriona y se pretende que cambie el fenotipo de la célula anfitriona. Alternativamente, el ácido nucleico ligado en forma operativa es un ácido nucleico endógeno de la célula anfitriona.

El término "heterólogo" como se utiliza 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 ocurre en la naturaleza en las secuencias de ácido nucleico que flanquean el 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, este puede ser homólogo o natural o heterólogo o externo a la célula anfitriona de planta. El ácido nucleico ligado en forma operativa heterólogo puede ser cualquier ácido nucleico (por ejemplo que codifica cualquier proteína), dado que

comprende o se flanquea mediante por lo menos un nucleótido que normalmente no flanquea el promotor de la presente invención.

El término "terminador de transcripción" como se utiliza en (c) se refiere a una secuencia de ADN al extremo de una unidad transcripcional que señala la terminación de la transcripción. Los terminadores son secuencias de ADN no traducidas 3' que contienen usualmente una señal de poliadenilación, facilita la adición de las secuencias poliadeniladas en el extremo 3' de un transcripto primerio. Los terminadores activos en y/o aislados de los virus, levaduras, mohos, bacterias, insectos, aves, mamíferos y plantas se conocen y se han descrito en la literatura. Ejemplos de terminadores adecuados para uso en las construcciones genéticas de la presente invención incluyen el terminador de gen de sintasa nopalina *Agrobacterium tumefaciens* (NOS), la secuencia terminadora de gen sintasa octapina *Agrobacterium tumefaciens* (OCS), la secuencia terminadora del gen 35S del virus mosaico de Coliflor (CaMV), la secuencia terminadora pirofosforilasa de ADP-glucosa *Oryza sativa* (t3'Bt2), la secuencia terminadora del gen zeína *Zea mays*, el terminador de gen *rbcS-1A*, y las secuencias terminadoras de gen *rbcS-3A*, entre otras.

La presente invención también proporciona un casete de expresión, un vector de transformación o un vector de expresión de planta que comprende una construcción genética como se describió anteriormente.

Un "casete de expresión" como significa aquí se refiere a una construcción genética mínima necesaria para la expresión de un ácido nucleico. Un casete de expresión típico comprende una combinación de promotor-gen-terminador. Un casete de expresión puede comprender adicionalmente sitios de clonación, por ejemplo sitios de recombinación GatewayTM o sitios de reconocimiento de enzima de restricción, para permitir la clonación fácil del ácido nucleico ligado en forma operativa o para permitir la transferencia fácil del casete de expresión dentro de un vector. Un casete de expresión puede comprender adicionalmente regiones no traducidas 5', regiones no traducidas 3', un marcador seleccionable, promotores de transcripción o promotores de traducción.

Con "vector de transformación" significa una construcción genética, que se puede introducir en un organismo mediante transformación y se puede mantener establemente en dicho organismo. Algunos vectores se pueden mantener en por ejemplo *Escherichia coli*, *A. tumefaciens*, *Saccharomyces cerevisiae* o *Schizosaccharomyces pombe*, mientras que otros tales como fagémidos y vectores cósmidos, se pueden mantener en bacterias y/o virus. Los vectores de transformación se pueden multiplicar en su célula anfitriona y se pueden aislar de nuevo de ellos para que se van a transformar en otra célula anfitriona. Las secuencias de vector de manera general comprenden un conjunto de sitios únicos reconocidos por las enzimas de restricción, los múltiples sitios de clonación (MCS), en donde se pueden insertar una o más secuencias sin vector. Las secuencias de vector pueden comprender adicionalmente un origen de replicación que se requiere para mantenimiento y/o replicación en una célula anfitriona específica. Ejemplos de orígenes de replicación incluyen, pero no se limitan a, *f1-ori* y *colE1*.

"Vectores de expresión" forman un subconjunto de vectores de transformación, que, por virtud de comprender las secuencias reguladoras apropiadas, permiten la expresión de las secuencias insertadas sin vector. Se han descrito vectores de expresión que son adecuados para la expresión en bacterias (por ejemplo *E. coli*), hongos (por ejemplo *S. cerevisiae*, *S. pombe*, *Pichia pastoris*), células de insecto (por ejemplo vectores de expresión baculovíricos), células de animal (por ejemplo células COS o CHO) y célula de plantas. Un vector de expresión adecuado de acuerdo con la presente invención es un vector de expresión de planta, útil para la transformación de células de planta, la integración estable en el genoma de la planta, el mantenimiento en célula de planta y la expresión de las secuencias sin vector en la célula de planta.

Típicamente, un vector de expresión de planta de acuerdo con la presente invención comprende un ácido nucleico de la SEQ ID NO 5 o una variante del mismo como se describió aquí anteriormente, opcionalmente ligada en forma operativa a un segundo ácido nucleico. Típicamente, un vector que puede expresar la planta de acuerdo con la presente invención, comprende adicionalmente regiones de T-ADN para integración estable dentro del genoma de la planta (por ejemplo las regiones de límite izquierdo y límite derecho del plásmido Ti).

Las construcciones genéticas de la invención pueden comprender adicionalmente un "marcador seleccionable". Como se utiliza aquí, el término "marcador seleccionable" incluye cualquier gen, que confiere un fenotipo a una célula en la que se expresa, para facilitar la identificación y/o selección de células que se transfectan o se transforman. Los marcadores adecuados se pueden seleccionar de marcadores que confieren resistencia antibiótica o herbicida. Las células que contienen la construcción genética así sobrevivirán a concentraciones antibióticas o herbicidas que matarán las células no transformadas. Ejemplos de genes marcadores seleccionables incluyen genes que confieren resistencia a los antibióticos (tales como fosfotransferasa de neomicina que codifica *nptII* capaz de fosforilar la neomicina y la canamicina, o fosfotransferasa de higromicina que codifica *hpt* capaz de fosforilar la higromicina), a los herbicidas (por ejemplo *bar* que proporciona resistencia a Basta; *aroA* o *gox* que proporciona resistencia contra el glifosato), o genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como *manA* que permite que las plantas utilice manosa como fuente única 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 los mismos). Ejemplos adicionales de genes marcadores seleccionables adecuados incluyen el gen de resistencia a ampicilina (*Ampr*), gen de resistencia a tetraciclina (*Tcr*), gen de

resistencia a la canamicina bacteriana (Kanr), gen de resistencia a fosfinotricina, y el gen acetiltransferasa cloramfenicol (CAT), entre otros.

Adicionalmente, la presente invención abarca una célula anfitriona que comprende 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 realizaciones particulares de la invención, la célula anfitriona se selecciona de bacterias, algas, hongos, levaduras, plantas, células anfitrionas de insecto o animal.

En una realización particular, la invención proporciona una célula de planta transgénica que comprende 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 de planta es una célula de planta dicotiledónea o una célula de planta monocotiledónea, más preferiblemente una célula de cualquiera de las plantas mencionadas aquí. Preferiblemente, en la célula de planta transgénica de acuerdo con la invención, el promotor o la construcción genética de la invención se integra establemente dentro del genoma de la célula de planta.

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

(a) Introducir dentro de una célula de planta un promotor aislado, por ejemplo la SEQ ID NO 5, o una variante o fragmento de la misma como se describió anteriormente, o 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) Cultivar dicha célula de planta bajo condiciones que promueven el crecimiento de la planta.

"Introducir" el promotor aislado mencionado anteriormente, o construcción genética, o casete de expresión, o vector de transformación o vector de expresión, en una célula anfitriona (por ejemplo célula de planta) se logra preferiblemente mediante transformación. El término "transformación" como se utiliza aquí abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno en una célula anfitriona, independiente del método utilizado para transferencia. En particular para plantas, tejidos capaces de propagación clónica, mediante organogénia o embriogénia, son adecuados para ser transformados con una construcción genética de la presente invención y se puede regenerar una planta completa. El tejido particular variará dependiendo de sistemas de propagación clónicos disponibles para, y mejor adecuados para, las especies de planta particulares que se van a transformar. Los objetivos de tejido de ejemplo incluyen discos de hoja, polen, embriones, cotiledóneas, hipocotiledóneas, megagametofitos, tejido de callo, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristema apical, brotes axilares, y meristemas de raíz), y tejido de meristema inducido (por ejemplo, meristema cotiledóneo y meristema hipocotiledóneo). El polinucleótido se puede introducir transitoriamente o establemente dentro de una célula de planta y se puede mantener no integrado, por ejemplo, como un plásmido. Alternativamente, este se puede integrar dentro del genoma de la planta.

Las especies de transformación de una planta es ahora una técnica de rutina fácil. Ventajosamente, se pueden utilizar cualquiera de varios métodos transformación para introducir los ácidos nucleicos de la invención en una célula ancestral adecuada. Los métodos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, químicos que aumentan la retoma de ADN libre, inyección del ADN directamente dentro de la planta, bombardeo de pistola de partículas, transformación utilizando virus o polen y microproyección. Se pueden seleccionar métodos a partir del método de calcio/polietylenglicol 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 en el material de planta (Crossway A. et al., 1986, Mol. Gen Genet 202, 179-185); bombardeo de partícula cubierto con ARN o ADN (Klein T.M. et al., 1987, Nature 327, 70) virus de infección con (no integrativo) y similares. Un método de transformación preferido para la producción de células de planta transgénicas de acuerdo con la presente invención, es un método de transformación mediado por Agrobacterium.

Las plantas de arroz transgénicas que comprenden uno cualquiera de los promotores de la presente solicitud se producen preferiblemente por medio de la transformación mediada por Agrobacterium utilizando cualquiera de los métodos bien conocidos para la transformación de arroz, tal como aquellos descritos en cualquiera de los siguientes: solicitud de patente Europea publicada A1, Aldemita and Hodges (Plant, 199, 612-617, 1996); Chan et al. (Plant Mol. Biol. 22 (3) 491-506, 1993); Hiei et al. (Plant J. 6 (2) 271-282, 1994); cuyas descripciones se incorporan aquí como referencia cuando se establece completamente. En el caso de la transformación de maíz, el método preferido es como se describe 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 descripciones se incorporan aquí como referencia cuando se establecen completamente.

De manera general después de transformación, se seleccionan células de planta o grupos de células para la presencia de uno o más marcadores que se codifican por genes que pueden expresar la planta cotransferidos con el gen de interés (que puede estar bajo el control de cualquiera de los promotores de la presente invención), luego de lo cual se puede cultivar el material transformado bajo condiciones que promueven el crecimiento de la planta.

La célula de planta transformada resultante luego se puede utilizar para regenerar una planta transformada en una forma conocida por las personas expertas en la técnica. De acuerdo con lo anterior, el método para la producción de una planta transgénica como se describió aquí anteriormente, puede comprender adicionalmente regenerar una planta de dicha célula de planta de (a).

- 5 La presente invención proporciona adicionalmente una planta que comprende una célula de planta como se describió aquí anteriormente. Las plantas también pueden ser capaces de crecer, o aún alcanzan madurez que incluye por ejemplo producción de frutos, formación de semillas, maduración de semillas y endirecimiento de semillas.

Adicionalmente, se puede producir progenie de estas semillas, la cual progenie puede ser fértil. Alternativamente o
10 adicionalmente, las plantas transformadas y regeneradas también pueden producir progenie mediante propagación no sexual tal como clonación, injerto. Las plantas transformadas generadas se pueden propagar mediante una variedad de medios, tales como mediante técnicas de propagación clónica o siembra clásica. Por ejemplo, una planta transformada de primera generación (o T1) se puede autofecundar para dar transformantes de segunda generación homocigotas (o T2), y las plantas T2 se propagan adicionalmente a través de técnicas de siembra
15 clásicas.

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

- 20 Siguiendo la transferencia de ADN y el crecimiento de las células transformadas, las células de planta transformadas putativamente o plantas se pueden evaluar, por ejemplo utilizando análisis Southern, para la presencia del gen de interés, el número de copia y/u organización genómica. Alternativamente o adicionalmente, los niveles de expresión o los patrones de expresión del nuevo ADN introducido se pueden abordar utilizando análisis northern y/o Western, ambas técnicas son bien conocidas por las personas que son medianamente versadas en la técnica.

- 25 La presente invención se extiende claramente a plantas que se pueden obtener mediante cualquiera de los métodos de acuerdo con la presente invención, cuyas plantas comprenden cualquiera de los promotores aislados o las construcciones de la presente invención. La presente invención se extiende claramente a cualquier parte de la planta y propágulos de tal planta. La presente invención se extiende adicionalmente para abarcar la progenie de una célula transformada primaria, tejido, órgano o planta completa que se ha producido por cualquiera de los métodos
30 mencionados anteriormente, el único requerimiento es que la progenie exhibe las mismas características genotípicas y/o genotípicas como aquellas producidas en el progenitor mediante los métodos de acuerdo con la invención. La invención también se extiende a partes cosechables de una planta, tal como pero no limitado a semillas, hojas, frutos, flores, cultivos de tallo, tallo, rizomas, raíces, tubérculos, bulbos y fibras de algodón.

El término "planta" o "plantas" como se utiliza aquí abarca plantas completas, ancestros y progenie de plantas y partes de planta, que incluye semillas, brotes, tallos, raíces (que incluyen tubérculos), y células de planta, tejidos y
35 órganos. El término "planto" por lo tanto también abarca cultivos de 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 superfamilia Viridiplantae, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas que incluyen una legumbre de forraje o pienso, planta ornamental, cultivo de alimento, árbol, o arbusto seleccionado de la lista que comprende *Acacia* spp., *Acer* spp.,
40 *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon* spp., *Arachis* spp., *Areca* catechu, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula* spp., *Brassica* spp., *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra* spp., *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens*, *Chaenomeles* spp., *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum* mopane, *Coronilla varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata*,
45 *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa*, *Diheteropogon amplexens*, *Dioclea* spp., *Dolichos* spp., *Doyncnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehretia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrostis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperii*, *Eulalia villosa*, *Fagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana*, *Fragaria* spp.,
50 *Flemingia* spp., *Freyinetia 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 incarnata*, *Iris* spp., *Leptarrhenia pyrolifolia*, *Lespedeza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus* spp., *Macrotyloma axillare*, *Malus* spp., *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*,
55 *Musa sapientum*, *Nicotianum* spp., *Onobrychis* spp., *Omithopus* spp., *Oryza* spp., *Peltophorum africanum*, *Pennisetum* spp., *Persea gratissima*, *Petunia* spp., *Phaseolus* spp., *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia* spp., *Picea glauca*, *Pinus* spp., *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthria fleckii*, *Pogonarthria squarrosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes* spp.,

5 Robinia pseudoacacia, Rosa spp., Rubus spp., Salix spp., Schyzachyrium sanguineum, Sciadopitys verticillata, Sequoia sempervirens, Sequoiadendron giganteum, Sorgo bicolor, Spinacia spp., Sporobolus fimbriatus, Stiburus alopecuroides, Stylosanthos humilis, Tadehagi spp, Taxodium distichum, Themeda triandra, Trifolium spp., Triticum spp., Tsuga heterophylla, Vaccinium spp., Vicia spp. Vitis vinifera, Watsonia pyramidata, Zantedeschia aethiopica, Zea mays, amaranto, alcachofa, espárragos, brócoli, col de bruselas, repollo, canola, zanahoria, coliflor, apio, col
 10 rizada, lino, col rizada, lenteja, aceite de semilla de colza, okra, cebolla, papa, arroz, soja, paja, remolacha, caña de azúcar, girasol, tomate, calabaza, y te, árboles y algas entre otras. 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, papa, tabaco, calabaza, papaya, álamo, leguminosa, lino, lupino o sorgo. De acuerdo con otra realización preferida de la presente invención la planta es una planta monocotiledónea, tal como caña de azúcar, adicionalmente se
 15 prefiere un cereal tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno o avena.

La invención proporciona adicionalmente un método para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico en una planta o célula de planta, que comprende:

15 a) Ligar en forma operativa un ácido nucleico a un ácido nucleico aislado de acuerdo con la invención como se describió aquí anteriormente, tal SEQ ID NO 5 o una variante o fragmento de la misma como se describió anteriormente, y

b) Introducir la construcción genética resultante dentro de una planta o célula de planta.

Preferiblemente el ácido nucleico ligado en forma operativa de (a) es heterólogo a los ácidos nucleicos de acuerdo con la presente invención.

20 Este método puede comprender adicionalmente cultivar la planta transformada o célula de planta bajo condiciones que promueven el crecimiento, que promueven la regeneración y/o que promueven la maduración.

Adicionalmente, la expresión del ácido nucleico ligado en forma operativa puede dirigir y/o regular en células particulares, tejidos u órganos de una planta. De acuerdo con lo anterior, la invención proporciona un método como se describió anteriormente, en donde la expresión es específica de la expresión de tejido. Para estas realizaciones, se hace referencia a la sección de ejemplos en donde los patrones de expresión específicos de los promotores de acuerdo con la invención se describen y en donde se detallan diferentes tipos de expresión específica de tejido.
 25

La presente invención abarca adicionalmente el uso de un ácido nucleico aislado como se definió aquí anteriormente para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa.

30 La persona experta en la técnica reconocerá que la provisión de la secuencia SEQ ID NO 5, fácilmente hace disponible las herramientas para aislar los promotores relacionados, que pueden tener identidad de secuencia sustancial a la SEQ ID NO 5. Adicionalmente, la provisión de la secuencia SEQ ID NO 27 (CDS que corresponde al promotor de la presente invención, ver Tabla 1), hace fácilmente que las herramientas aislen los promotores relacionados, de los que los CDS relacionados pueden tener identidad de secuencia sustancial a la SEQ ID NO 27. Por lo tanto la presente solicitud también abarca un método para aislar los ácidos nucleicos, capaz de dirigir y/o
 35 regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa, que comprende detectar una base de datos de la secuencia de ácido nucleico para encontrar homólogos de cualquiera de las secuencias representadas por la SEQ ID NO 5 o SEQ ID NO 27. Posteriormente se utilizan estos homólogos para detectar una colección con ADN genómico, cuya colección se prepara por ejemplo del organismo de origen del homólogo mencionado anteriormente. El procedimiento de detección por ejemplo puede involucrar hibridación. Posteriormente, el ADN genómico que coincide con el homólogo, se analiza para identificar el sitio de inicio de transcripción y el sitio de inicio de traducción del gen que corresponde al homólogo. Finalmente, los cebadores específicos se diseñan para amplificación de un ácido nucleico ubicado en la región en el extremo 5' (en el extremo 5') de dicho sitio de inicio de traducción.
 40

45 La presente solicitud se extiende a la identificación de las proteínas reguladoras que están implicadas en la regulación de la actividad de los promotores de acuerdo con la presente invención. Tal identificación se puede lograr utilizando un sistema de un híbrido de levadura. En tal sistema de un híbrido de levadura las secuencias de acuerdo con una cualquiera de la SEQ ID NO 5 se ligan en forma operativa al activador de transcripción GAL y se transforma a un cultivo celular de levadura. Este cultivo de célula de levadura de nuevo se transforma con una colección de construcciones que codifican los factores reguladores candidatos.

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

50 La figura 1 muestra una representación esquemática general de un promotor. Los elementos reguladores son secuencias que por ejemplo pueden ser responsables para 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. Esto incluye una caja TATA, que es necesario para dirigir correctamente la polimerasa II de ADN al sitio de inicio de transcripción.

El elemento de inicio de transcripción (INR) incluye el sitio de inicio de transcripción. La región no traducida 5' (5'UTR) es la región que se transcribe en el ARN pre-mensajero y eventualmente en el mRNA, pero que no se traduce en la proteína. El codón de inicio de traducción está representado por el codón de inicio ATG.

5 La figura 2 es un mapa del vector p4581 útil para la expresión en plantas de un gen β -glucuronidasa (GUS) bajo el control de uno cualquiera de los promotores de acuerdo con la invención. Este vector binario comprende un casete de recombinación Gateway, adecuado para la clonación de recombinación de uno cualquiera de los promotores de la presente invención en la parte frontal del gen β -glucuronidasa *Escherichia coli* (GUS). Este casete contiene un gen de resistencia a cloramfenicol (CamR) y el gen suicida *ccdB* para la selección de los plásmidos no recombinados. Este casete de expresión GUS comprende adicionalmente la secuencia terminadora doble T-zeína y T-rbcS-deltaGA. Este casete de expresión se ubica dentro del límite izquierdo (repetición LB, LB Ti C58) y el límite derecho (repetición RB, RB Ti C58) del plásmido nopalina Ti. También están clonados dentro de estos límites el marcador seleccionable y los genes de marcador detectables 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. Las siguientes figuras muestran los resultados de la tinción GUS de plantas o partes de plantas transformadas con el vector reportero p4581 que lleva un promotor de acuerdo con la presente invención ligado en forma operativa al gen reportero GUS. Las plantas denominadas "plantas C" son plantas transgénicas que crecen a aproximadamente 5 cm; las plantas denominadas "plantas B" se cultivan a aproximadamente 10 cm; y las plantas denominadas "plantas A" se cultivan hasta maduras. Estas plantas A se utilizan para recolectar diferentes muestras de tejido de hojas maduras, hojas jóvenes y semillas.

La figura 3 muestra el patrón de expresión de PRO0061 (beta expansina EXPB9, SEQ ID NO 5). La tinción GUS es visible en flores jóvenes de una planta (A) y en otros tejidos de expansión jóvenes de plantas B (B) y plantas C (C).

Ejemplos

El promotor de acuerdo con la presente invención se aísla como regiones de ADN que abarca aproximadamente 1.2 kb de la secuencia en la dirección 5' del codón de inicio de traducción (es decir el primer ATG, cuyo codón se excluye) de un gen de arroz. Para la determinación de su secuencia de ácido nucleico y su patrón de expresión, se sigue el siguiente procedimiento: Primero se realizan estudios de sílice en secuencias de arroz genómico. Sin embargo, los procedimientos con base en los programas de predicción automáticos para ubicar la secuencia de ácido nucleico similar al promotor son altamente propensos a error, aún para la localización de los elementos de control de promotor mejor caracterizados tales como una caja TATA y el elemento de inicio de transcripción (INR). También, en la determinación del sílice del patrón de expresión es extremadamente especulativa. Por lo tanto, para obtener datos no ambiguos data aproximadamente la secuencia de ácido nucleico y el patrón de expresión de los promotores, se realizan estudios in vivo que abarcan (i) aislamiento del promotor de la secuencia de ácido nucleico; (ii) ligar en forma operativa un gen reportero al promotor e introducir la construcción genética resultante en los organismos anfitriones; (iii) cultivar la célula anfitriona transformada bajo condiciones que permiten la expresión del gen reportero, y (iv) determinación de la actividad del gen reportero en los diferentes tejidos del organismo anfitrión. Estos métodos ahora se describen en más detalle.

Ejemplo 1. Identificación y aislamiento de los promotores

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

40 Las bases de datos de secuencia, que comprenden las secuencias de arroz, se buscan para etiquetas de secuencia expresadas de arroz (EST). Posteriormente se realiza Northern blot "en sílice" para permitir la identificación de las familias EST que se expresan fuertemente o que son específicas para un órgano particular. Este análisis incluye la normalización de los números de los EST aislados de diferentes órganos de planta. Las familias EST con una distribución interesante entre las colecciones de cADN fuente se seleccionan para análisis adicional y búsquedas de homología de secuencia. Después de las búsquedas de homología de secuencia en combinación con datos científicos de exploración, los genes que corresponden a aquellas familias de EST se identifican de las bases de datos de secuencia y una función (putativa) y se da el nombre del gen correspondiente (ver Tabla 1). Posteriormente, la región promotora correspondiente se aísla mediante el siguiente procedimiento. En una primera etapa se busca en la base de datos TIGR para encontrar una tentativa contig que corresponde a una familia EST. La homología de secuencia se encuentra utilizando programas de ordenador estándar, tal como Blast N utilizando parámetros estándar (típicamente Coste G para abrir un espacio = 5, Coste E para extender un espacio = 2, Penalidad q para un emparejamiento incorrecto en la porción blast de la serie = -3, r Recompensa por coincidencia en la porción blast de la serie = 1, valor de expectativa e = 10.0, W Tamaño de palabra = 11, Número v de descripciones de una línea = 100, Número b de alineaciones para mostrar = 100, Matriz = BLOSUM62). La base de datos TIGR (The Institute for Genomic Research), proporciona Contigs Tentativos (TC) que son predicciones de secuencia con base en la construcción contig de todos los EST conocidos, de todos los cADN conocidos y del mRNA reconstruido. Los TC utilizados para la identificación de los promotores de la presente invención se representan en la Tabla 1. En una segunda etapa se utilizan estos TC para ubicar el gen correspondiente en una

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

Los fragmentos purificados PCR del Ejemplo 1, que corresponden a las regiones promotoras de la presente invención, se clonan en el plásmido de entrada pDONR201 del sistema Gateway™ (Life Technologies) utilizando la "reacción de recombinación BP". La identidad y composición de par base del inserto clonado se confirma mediante secuenciamiento y adicionalmente, el plásmido resultante se prueba por medio de las digestiones de restricción.

Con el fin de clonar cada uno de los promotores de la presente invención en la parte frontal de un gen reportero, cada clon de entrada del Ejemplo 1 se utiliza posteriormente en una "reacción de recombinación LR" (Gateway™) con el vector de destinación p4581. Este vector de destinación se designa para ligar en forma operativa cada promotor de la presente invención al gen beta-glucuronidasa Escherichia coli (GUS) por medio de la sustitución del casete de recombinación Gateway en la parte frontal del gen GUS. Adicionalmente este vector de destinación es adecuado para la transformación de plantas y comprende dentro de los límites derecho e izquierdo del T-ADN y el casete promotor-GUS y el marcador seleccionable y los casetes marcadores detectables (ver figura 2). Los vectores reporteros resultantes, que comprenden un promotor de la presente invención ligada en forma operativa a GUS, se transforman posteriormente en la cepa Agrobacterium LBA4044 y posteriormente en plantas de arroz utilizando técnicas de transformación estándar.

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

Para cada construcción reportera del promotor-GUS, se generan 3 plantas de arroz transgénicas T0 de células transformadas. El crecimiento de la planta se desarrolla bajo condiciones normales. La primera planta transgénica se sacrifica para tinción GUS cuando alcanza un tamaño de aproximadamente 5 cm, cuya planta se denomina aquí "planta C". La segunda planta transgénica se sacrifica para tinción GUS cuando esta ha alcanzado un tamaño de aproximadamente 10 cm, cuya planta se denomina aquí "planta B". La tercera planta transgénica se mantiene para producción de semilla y se denomina aquí "planta A". Se realiza tinción GUS en las plantas completas C y B. En las plantas A, se realiza tinción GUS en piezas de hojas, flores y la sección de las semillas en diversas etapas de desarrollo. A las plantas se les permite que produzcan semillas, dichas semillas se utilizan después de cosecha para confirmación del patrón de expresión en las plantas T1.

Tinción GUS

Las plantas sacrificadas o las partes de la planta se cubren con 90 % de acetona enfriada con hielo y se incuban durante 30 min a 4 °C. Después de 3 lavados de 5 min con regulador Tris [15,76 g de Trizma HCl (Sigma T3253) + 2,922 g de NaCl en 1 l bidí, ajustado a pH 7,0 con NaOH], el material se cubre por una solución de Tris/ferricianato/X-Gluc [9,8 ml de regulador Tris + 0,2 ml de solución madre ferricianato (0,33 g de ferricianato de potasio (Sigma P3667) en 10 ml de regulador Tris)+ 0,2 ml de solución madre X-Gluc (26,1 mg de X-Gluc (Europa Bioproducts ML 113A) en 500 µl de DMSO)]. Se aplica filtración por vacío durante 15 a 30 minutos. Las plantas o las partes de la planta se incuban durante hasta 16 horas a 37 °C hasta es visible el desarrollo del color azul. Las muestras se lavan 3 veces durante 5 minutos con regulador Tris. Se extrae clorofila en series de etanol de 50 %, 70 % y 90 % (cada uno 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

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

Ejemplo 4. Estabilidad de los patrones de expresión de los promotores de la presente invención en generaciones adicionales

5 Se realizan los análisis mencionados anteriormente en plantas T0 que se originan de los tejidos transformados. La estabilidad de la actividad del promotor en las siguientes generaciones o plantas progenie de la planta original T0, las así llamadas plantas T1 y T2, se evalúa como sigue. La planta T0 transformada con las construcciones indicadoras como se mencionó en los párrafos anteriores del Ejemplo 2, se cultivan hasta madurez (plantas A), de las que se cosechan las semillas (semillas T1) y se siembran para generar las plantas de progenie T1. Estas plantas se analizan como se describió anteriormente en el Ejemplo 3 y las plantas A T1 se dejan alcanzar la madurez y establecer las semillas T2.

10 El patrón de expresión de los promotores de la presente invención se estudia en plantas T0, semillas T1, plantas T1 y semillas T2 y en todos los tejidos (que incluyen semillas y tejidos de semilla) como se describe en el Ejemplo 3. Los patrones de expresión específicos como se reporta de las semillas T0 y T1 y se describen en el Ejemplo 3 se confirman en las siguientes semillas generación T1 y T2. Se concluye que el patrón de expresión de los promotores presentes se heredan en forma estable en plantas de generaciones posteriores.

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

20 Se realizan los análisis de planta mencionados anteriormente en plantas de arroz. Esta elección se basa en la consideración práctica que la ingeniería genética de la planta es más rentable para plantas de cultivo. También en otras plantas de cultivo, tales como por ejemplo Zea Mays, las construcciones indicadoras que comprenden los promotores de acuerdo con la presente invención que se introducen y transforman la planta se evalúan 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 también son adecuados para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa en monocotiledóneas, tales como maíz.

25 Para muchos otros propósitos tales como investigación y horticultura, las hierbas (pequeñas) se modifican genéticamente, lo que implica el uso de promotores. Por lo tanto las construcciones indicadoras que comprenden los promotores de acuerdo con la presente invención se introducen dentro de otras especies de plantas tales como por ejemplo Arabidopsis thaliana y las plantas transformadas se evalúan como se describió aquí anteriormente. Los patrones de expresión de los promotores de acuerdo con la presente invención se conservan entre las plantas. Por
30 lo tanto, los promotores de acuerdo con la presente invención también son adecuados para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa en otras especies de planta tales como por ejemplo dicotiledóneas, tales como Arabidopsis.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> CropDesign N.V.

<120> Promotores de arroz

5 <130> PF58322

<150> EP 03075331.3

<151> 2003-02-04

<160> 88

<170> PatentIn version 3.1

10 <210> 1

<211> 1264

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

15 <221> misc_feature

<223> PR00110 - RCc3

<400> 1

```

tcgacgctac tcaagtgggt ggaggccacc gcatgttcca acgaagcgcc aaagaaagcc 60
ttgcagactc taatgctatt agtcgcctag gatatttga atgaaaggaa ccgcagagtt 120
tttcagcacc aagagcttcc ggtggctagt ctgatagcca aaattaagga ggatgccaaa 180
acatgggtct tggcggggcg gaaacacctt gataggtggc ttacctttaa acatgttcgg 240
gccaaggcc ttgagacggt aaagttttct atttgcgctt gcgcatgtac aattttattc 300
ctctattcaa tgaatttggg ggctcactgg ttcattaaaa aaaaaagaat ctagcctggt 360
cggaagaag aggatTTTTt tcgtgagaga gagagagaga gagagagaga gagagagaga 420
gaaggaggag gaggattttc aggcttcgca ttgcccaacc tctgcttctg ttggccaag 480
aagaatccca ggcgcccagt ggctggcagt ttaccacgga cctacctagc ctaccttagc 540
tatctaagcg ggcgaccta gtagccacgt gcctagtgtg gattaaagt gccgggcccag 600
caggaagcca cgctgcaatg gcatcttccc ctgtccttcg cgtacgtgaa aacaaacca 660
ggtaagctta gaatcttctt gcccgttggg ctgggacacc caccaatccc accatgcccc 720
gatattcctc cggctcgggt tcatgtgatg tcctctcttg tgtgatcacg gagcaagcat 780
tcttaaacgg caaaagaaaa tcaccaactt gctcacgag tcacgctgca ccgcgcaag 840
cgacgcccga taggccaaga tcgcgagata aaataacaac caatgatcat aaggaaacaa 900
gcccgcgatg tgtcgtgtgc agcaatcttg gtcatttgcg ggatcgagt ctacacagct 960
aaccaaatat tcggccgatg atttaacaca ttatcagcgt agatgtacgt acgatttgtt 1020
aattaatcta cgagccttgc tagggcaggt gttctgccag ccaatccaga tcgccctcgt 1080
atgcacgctc acatgatggc agggcaggt tcacatgagc tctaacggtc gattaattaa 1140
tcccggggct cgactataaa tacctcccta atcccatgat caaacccatc tcaagcagcc 1200
taatcatctc cagctgatca agagctctta attagctagc tagtgattag ctgcgcttgt 1260
gatc 1264

```

<210> 2

20 <211> 1215

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00005 - beta-amilasa putativa

<400> 2

5 cccgatttag tagaccacat tttggcatca aaccaaata gaccctctcc cagaatttgt 60

```

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

```

<210> 3

<211> 1038

<212> ADN

10 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00009 – sintasa celulosa putativa

<400> 3

ES 2 378 157 T3

```

gccatcgagt ggtgtgccga taccggcgcc tgttctttac agcctcagct agtgttggtg      60
tccgaggcaa tttttccgac ctattgtggt gctttcctct ctgatagctt atggtaaaag      120
atacaaagat gttgaggagt ttgtacgccca ctttaatttg ctcgtaacat acattgacaa      180
tcaagaggag ccatggcatt gcgatctgct tacacggcat attcttactg gatgggtgtac      240
actacttacc ctttttaatg caagcatcaa tccattgctt ttctcactgc acacctgatt      300
cgtactgaaa acgtgaaaca taaaaaaaaa acaaaaatct agctgatggt ggctctcggg      360
gcctcgagtc tagtttgtcc tagatggcta acctgatatg tgttggtcac gctcacgttt      420
gaaccgagaa agagtgtgtg tgtgtgtgtg tcggcgtgct gctacaccag agcctccctg      480
aatcgcaatg cgtgttaacg ccagcatcgc aggatttcat ctcaactgac aggttcagat      540
ggccttctc ctaccgtctg ccatttatac acgcagtac ttaacgctta cacgagccgg      600
atggccccga tctccccctt gcaccatctc accagaaaaa cggtgaggcg tcaccgcaac      660
ccaccacca aacacatcca cgtcccttca ccgttggcct tcgattttgc ttcagctgca      720
ctacgacccc tccaacacat ttccctcgcg tctcgttgcg atctcacctt acgacgatct      780
cgttccagca gcagcagcat cggcagcggc ggcttgcttc cgaagcgcgc aatgcatggc      840
gcgcgcggcc gcgtgcgtgc gtgccttggc ttgcgctcta atcaaaccgg gacgccccaa      900
ctcacgggtg gtgcgggacg ccaccccgc accttaccgc ccccgctcc ctgcatctga      960
tcatcaacca gctgctatat cacctagcta gccgcgcct cctcctcgc caccaacgtc     1020
gcttccccgg cacctcac                                     1038

```

<210> 4

<211> 1301

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00058 - inhibidor proteinasa Rgpi9

<400> 4

```

tctcttctga agctgaagcc ctgcgaaata ggcctttaa cgctttaag ttactggatg      60
atcatatcgg cgtaagaccg gtttaaacat ggtttcgctt tgtgaatcca atgtgagtca      120
cgacgtgaca catggcacgt ccttgagct ttagacatat cgaatctgag cactggagtg      180
gccgagtggg tgagcggcca aatccgtttt agacagatcg cactgacacg atgttgatca      240
ttgatactaa taccatttta tcaagcagta gtgttgaaaa aaaaacttat gttctcttca      300
actgtgagat ttcatcccgt ttcaagatga acaagccatg catgtgagat gtgaacagaa      360
ggcagaagac agtggaaga caggacaaat aagtgaagag ggatcaaatc aatgggcctg      420
acggtttctg aaagttgaca tggaaatcgc cggtgatcac cggtttatac gttattttaa      480
tctgcgattt ccacttctgt ttgctttcgg ggttccaatt tgagtcacgc acatattctt      540
catcgtgctt tggatctcag caccgtagta acttttggac aaattgcatt cgccgacact      600
aataacatgt tctttttatg ctgctttaca tatactgctt atccacaccc aatcccattg      660
tcatatatta tgagatggag ggagtaaact ttgttaacag caacattttt tatattaaag      720
catcaactaa ttaaagcaca agatacgcat gttatctcaa taaatcttcc agtgcattga      780
taaagaagat gtcgccccta acttagataa tttttgtgac ttttatcctg gccggcataa      840
ttaattcttc cggaaattaa aagctagttt ttccatattc atcagtacag acaagacagc      900
atagtaagcg aagcatacct gacgtgtag ctcatgttaa ctcgatctgg aacactcgat      960
gctagataca gacagacact cctcgtgatg aacgtagca tttagcaaca tacggtgata     1020
aagcagctgg ggatcgatcc atccatccat cgtctttaca cgtacttacc ttgctaaccg     1080
cactgtcgcac tcttgcattg ttgcatgtaa tccaaatgga cccacagtg aacatgctca     1140
cagtgctttg cagctgcttt ccaaaatgct ttctttcact tcttccattc ctctgtccac     1200
aaaaaaaaagta gtgtgttctt gagcctatat aagagagggg cacacgctcc agtcgactca     1260
ccatcgatcc atctgacggt tagttccaag ggaaagaaga a                                     1301

```

10

<210> 5

<211> 1243

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

15 <220>

ES 2 378 157 T3

<221> misc_feature

<223> PR00061 - beta-expansina EXPB9

<400> 5

```

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

```

5 <210> 6

<211> 1019

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

10 <221> misc_feature

<223> PR00063 – proteína estructural

<400> 6

```

cctagctata tgcaaggtt gacaggttgt ctcttagatc gattaataat atcacattga      60
tgcaattaat tatctgagat caataaagtt tttctttatg ttaaattaat atcagtaata     120
gatgctaagt ccttcattag tagtatccca catttaatca cagttggaca cacaaaaaaaa     180
aaggcaatgc cattaatatg ccatctctct tgttttccat tgctaccaa gtgcatatg      240
atatcatcat caggcacacc aatccataac tagttcatta gagcaagtt aataatagag      300
ctaactataa gcttataatt tatattggag taaacatgta tagtaaata gctataaggt      360
tatttctttt tttctcctcc tctctctatc tcttacctat atatttaatg tatttgcctt     420
gaagtatgtg aatagctagc tcttgtatga gagccaatcc tctgcatttt taaattctc     480
tttctctcac ataagcatat agttggctta tagcctgcta ttatacttgg tcttagtaca     540
ctaaccctcc ttacatgcaa tgcaagctgt ctaattaaaa gggtttcaca acattttgaa     600
tgccactact agctcccaac cacaaaccaca gatctagcta gggtttgttc atttctctcc     660
tctctctctc tctccttttc cgttgtgcca attcatccaa agtcattgag agccatacta     720
ctccatatca tattactcct acatgtgtac tacatttata ttgatgatct gtaagagcaa     780
aagtattaat ggggatcaca ggtatgcagt aacagcagca ggtaccctcc cctttaacat     840
ccgcagttac gcctccacc taccgtcttc tctgcccgat gatgacgatg agcttctcct     900
ccgctataaa tctctctccc tctctctctc ctctctctcc aactccacat cgatcagag     960
cagcagcagc ttgcacactc gagcttagct tagcttttgc aagagagatc gagctagag     1019

```

<210> 7

15 <211> 1212

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

5 <223> PR00081 - cafeoil-CoA 3-O-metiltransferasa putativa

<400> 7

```

atggtgccat gtcaataaga catcataata gaaactacac tccacaaccc atagtttctt      60
aaagtggggtc attaataaat acatcatcta tcttttctat caatcatatt tattctttat      120
ctattatgac ggcactatct tctcccaatg taaaacttga taatgtctag tgcataaggt      180
ctcgtgttga agctgtttct tacatgagac ccagtttctt cttctctcca ctctctctta      240
attaatataa tgtcacataa gttaaaagtt ctagtaaata ataatatagt taatgacata      300
gacaacatcc tagatgtagg gttaggagtc ttcggacagt agcaaccctg ttttgactcc      360
ttttttggct gcccatccac agtcgccacc agaaaattca ctgtgcccaa atcaatggaa      420
gcgccacta gatccatcca tcttcgtgac agctccgagc tttctcctgg ttatttttct      480
cccaaaaata cattcagaac acgatctcaa atttaaacta atggagtgtc actgcatttc      540
ttaattataa gtcgcagcac cactcattaa tcatttccat cacaggtaaa tcgtggtagag      600
ctggtgggtg ctactgtact actagtacta cctgtcgcag cttgttagaa gccgttttctg      660
ctgaagcttc ttcttcttcc ctgggcaaaa taattttaag caggcggaa atatttggga      720
taaacagggt ggacaaaagc gtgcgatccc tttctttaac caaacacga cgaagcagg      780
ttaggtcgcg gcaggtggtg gtggtaggaa gaagaagaaa gagaggggaa aaaaaacaaa      840
aatttcacat gcatcatgca tgaagtagta catgtagtac tgagtactgt aataatgttc      900
agtttactgg accgtctcaa cgggaagacc aaattaacgc ttataaaata cccttttttt      960
gggcactgat catggccact acgtttgggtg gctcaacaac caggtcaccg tgcgatcgat      1020
cgattgctaa tttatttttt gaaaaggaaag ggaggaaaaa agaccgggtg tttgggtggc      1080
ccaccaaccc tgctctcgtg agccgataaa tattgctcgc cggagctctc ggttgacgac      1140
ccaaccaatc gactcgcacc accaccagca gctcaagcag caacagctca aacggaggaa      1200
gatctcatcg cc                                     1212
    
```

<210> 8

<211> 1052

10 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00091 - prolamina RP5

15 <400> 8

ES 2 378 157 T3

```

gtttttctat gaaccggtca ttaaaccgtc cccggttaga ccgaacaagc cacaataatc      60
ttgaaatggg ccttgatgtg gcccattgg tctgcctaga gcgttttggt tggcaaaaat      120
caatctccta ttctcggcac gtgtgatata caatggtaag tgagatatac aattctcggc      180
acggctacat tacaaggtgt cgattgtgt caatgtttgg ttaatttgct agattcacat      240
aatacatgcc aggaagttca gaacaatgtg ttgcctttca cgggaaaact ttgttggagc      300
aaatgccttc ttcttttttg cttctgcttc ttgagtccat gtggaggaag cagtagatag      360
ctgatgatat caggattcct tctgtgtctg tgtagggtga gcaacaccac tataattttt      420
atitagcaac acaatatcaa tttggctctat aaaagtatga attaatcaa tccccaacca      480
caattagagt aagttggtga gttattgtaa agctctgcaa agttaattta aaagttattg      540
cattaactta tttcgtatca caaacaagtt ttcacaagag tattaatgga acaatgaaaa      600
ccattgaaca tactataatt ttttttctta ctgaaattat ataattcaa gagcataaac      660
ccacacagtc gtaaagttcc acgtgtagtg cattatcaaa ataatagctt acaaaaacata      720
acaaacttag tttcaaaagt tgcaatcctt atcacattga cacataaagt gagcgatgag      780
tcatgtcatt atttttttgc tcaccatcat gtatatatga tgggcataaa agttactttg      840
atgatgatat caaagaacat ttttaggtgc acctaacaga atatccaaat aatatgactc      900
acttagatcc taatatagca tcaagcaaaa ctaacactct aaagcaaccg atagggaaac      960
atctataaat agacaagcat aatgaaaacc ctctcatcc ttcacacaat tcaaacatta     1020
tagttgaagc atagtagtag aatcctacaa aa                                     1052

```

<210> 9

<211> 1216

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00095 - metionina aminopeptidasa putativa

<400> 9

```

cctgatggat gatgaatcac tgatcgattt ctagtcttta ttctctgaag atgaaccgaa      60
gatccaagat tggccatgta aattatcctt tcttgatttg gccctccgag aatagattcc      120
tgtgcaatct agtcagtagt tgttcaggtc atgtaaacgt acggtaaaga atttatgtgc      180
agagggtttt ccagtttacc ctatgcattt gacctctggt catgtattga ttctgagaca      240
aagtgtagtg atcgcttgat gatactagta cacattgctg cttctttttt tgtcctgtaa      300
aagattttatt attggcagca atggatggta gagagggcaa tctgcttctt agttttgagt      360
ataaagtttt aagttttgag cagagtttccg aaaatttgca gtagaaagtt tgaattttca      420
aattggaagt acagtttttc aaattttccag tataaatttt taaaccactt gagaaaccaa      480
gagcatatgg gcgatcaaaa atttcttttc taaaggaaaa atatttttta aaaaacactt      540
agtagtataat caaaattctg aggttaagctc attaggccca ttactgttac ggcccatgaa      600
gcccagctctg gtgagatggg cctaccctgct caggcagaga tggatgggccc ttttaattgta      660
ggcccatggtt ggaaagccca ccaaagccca ataatatatc ctctcacct tcaaccctaa      720
tcctcctctt cttctagaag actgaaaatt cctctccttt cttctctctgc cctcaccgct      780
cgccgaggtt gccgtctcct tgtctctctc gctccttgcg ccgcccgcgc gacgagtcgc      840
ggggaggggc ggcgatctcc atctccatct gaggcgagga gagcagggga ggtgagggga      900
tcctgggtgag gtgagcatcc acgtcctctt tctttttttc tgattcatct ctctctctct      960
cgcacatcgg gactggaatt tgcttgcggt cgttcgtaa gtaacccta gcttctcttc     1020
tagatctgga agaaactctt cttcttttaa tttcagagcc ttaaccttaa tagtacaagt     1080
aacagtttgt ttgttccccg aaaagtttgg atgccttcca aatagagaca catgttattt     1140
atthtggaaat gtaatttgc cctggattta ttcattcagg tttgtgatta ctggacaata     1200
gaaatattta cacaat                                     1216

```

10

<210> 10

<211> 1237

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> PRO0111 – proteína similar a uclacianina 3

<400> 10

```

tcgttaagtt  tgatgatttc  tgatgaccca  tggtcaccta  gcggctagca  gtaccatgca  60
tgatcaccc  ccacaaagaa  atggtacagt  acatctccgt  cccaaaataa  gtgcagccat  120
gtatatccat  gcctaacggt  tgaccgtccg  tcttatTTaa  aaaaattatg  aaaaatttaa  180
aaatatttag  tcacacataa  agtattattc  atgttttatt  atctaatagc  aacaaaaaat  240
actaatcata  aaattttttt  taataagata  aacggttaaa  cgttgaacgt  gaatagtgca  300
aaactttatt  tagaacggag  ggagtacgaa  gtaactccgg  aactacatat  agggcaatta  360
ttgcccatag  tatgcatata  gtcaatcaat  taactgctga  caatggaaaa  gctaatacat  420
caatcaatgg  tttgattaat  caaattaagc  caggtcagtc  cgtcagtgta  cattcactaa  480
ttaaattaac  aggtttggtc  aacggttcaa  ccaacatctg  ccatcaacat  cttttcggtg  540
cacctttctt  gactctttat  gctattttgc  taaaaaaaaa  cttctcttta  catcacttat  600
aacaatatat  atttctgctt  taatttgtaa  tctttttttt  ctgctgttga  acggaaatca  660
cgagcgatat  atggtgaaga  ctgatgataa  tcgtatttct  gatgacccat  gattccgctg  720
tgtaccatct  gttctgtcaa  ctaaaaagtg  gagtagttcc  ttgacggaag  aagggagcaa  780
aatagaagat  attctcagtt  gatctgcagt  tgttgtagg  tcaactatatt  cagaaatcgc  840
agttgctggt  gtttaaattg  tgtgtgacag  cagacagcta  attatcagta  cacgtatatg  900
agcaatacta  gtgaatctgt  actaatTTaa  cgagagtatt  ttctatatac  aaatacaaca  960
gcaaaactgt  gccactggcg  ccgaatacgt  acggacagag  ctcaggcaat  caggggagca  1020
gcaaaagagg  agagagttgg  tgccaagcac  aactaaaccc  aactgcaccc  aaaaactaat  1080
cagcatttca  gttcgcttta  gttagtacta  ccacctgcat  ctctttacca  acaactatata  1140
accgcagtg  gacctgcagt  catctcacta  attcagtgaa  gccaccagta  ctagtacggc  1200
5 tctaatacgt  tcgctgttgc  taattaactc  tgccatc  1237

```

<210> 11

<211> 1100

<212> ADN

<213> Oryza sativa

10 <220>

<221> misc_feature

<223> PRO0116 – subunidad 11 no-ATPasa de partícula reguladora de proteasoma 26S

<400> 11

ES 2 378 157 T3

```

ctaagggcag cagccattgg gctctatagg tgtggttgca agtgcactta caagcgagca      60
acctggtaga atatccccga gatcagtagt taccgtgatt ggttcagact tgagaggcta      120
atTTTTtctg acctgtagct ttattacatc gcatttccctc ttattgaagt ttagccgagg      180
tgggtcggat ggatattcag tctaacagac tcaatgaacg ctttgttgta tgacttgtag      240
agtactggct gctcgaacag gatggttcag cttccagaaa ttggcaacg ctccatttca      300
aagaaaatca ttcagtattt gccttcttgt tgttacattg atctcatata aagtcacttt      360
gatcgttgac atcttgtttt ttggttcgtt tgccatggta gtttcccttg ctgctgggag      420
gattgccgcc tgaacttttt cttttttgcg aggatgttat ttttgccaga caagaacggg      480
aataagcaaa ttgtttggtg gaactaaagt aaactcgatc tctttccgag aagtgtatta      540
ttttcacgtg taccatcaat ttttttgaaa gtaaatattt tcccccttta actaatgttc      600
actttggacc ggataatctt acctttattt aactttgggc tatctaactc tcttctaaag      660
catataaacg atcttgagta catcgattcc tacttatcat ttaactctcg tagcttaatg      720
taagattatt tctttgaaat atgataaatt ggatgcatat gaatgaaga gtcaaggatt      780
aagtgattcc tcaaaaaaaaa aaaagagtga aatttattta tttttccctc ttcgacacga      840
agaagggcct ggttggagga aatggccca gattcagatg accgagggcg agtaccatgg      900
ggcccacaag aataataagc cccgagccca aacgctaagg cccacgagaa gccgtgcgct      960
ggaagaaaaga aagaaaccgc ggccgtcttc acaccgaagc ggcgagcagag acgactcgca     1020

```

```

gtcgcagcct ctttctctct ccgtctctct ctccccctct cctctctctcc gcgcggcgaa     1080
cgaagcgagc gagcggcggc

```

<210> 12

<211> 1216

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00117 – proteína ribosómica 40S putativa

<400> 12

```

cgtgttcatg ttcgcattta ggattggact tttttaggat ggagaggata tgtcctaacg      60
gaaatgtcat gtctatgctc cgatcttata aatttgttca atagcgttgc aaacgcgatc     120
attaaaaaag cggtaagaga actaccacat ttcgaaagc ccattctctt cgtgagttac     180
tggaaattatt tggcatagca catgcataaa gatgctttag taatgagctc aataaaaacac     240
gacagctttg catgtagcca caatgctata gtaaagatg tgtacttctt ttgcattgca     300
aagtggtaact gaccttgttt aggcagctag cttcattcat tttttgaatt ctatagttat     360
agttataaag attatcataa tttagataag aatccgggat gtttgagaag ctggagtttc     420
tagagaagct ataacaactc gaagctccct aaacagagcc attgaaacatt gagctgtcca     480
gtatatcatg acaaaatgat acattttgca tgggcatatg tgtctaagaa acaaaacatc     540
acaattcaat gagtcactct aaaaaaaaa gcaaaacact caacaaaacc ataccgtgaa     600
agtgaaccta taatgaaatg aaattttgat aagcatgctt acccaggtgg aaatttcaat     660
ctaagaacaa tttccaaaac caccgtccat agaaatatgt ggaattcatt cagaattttc     720
ataccacacg ataaaattta tagggaattt aacttttgcc atttttaccg aacaccacct     780
tttcatttgc tctataatg ttatcgaaaa gagagtgttt gtttaattat tgtcactttt     840
atcacgacat gtagccgtga caacgtggcg ttccctcgtg agcccaccog tcagccgccg     900
tacgcaccac catcaaagaa ttcaagacgg agagcgtcgt cgccgtcggc aaggcggcgt     960
gttttgttca ctgtacgttg cttcggcgtg ggcccaatct tgttcggggc taactagttc     1020
ttcccagccc aggccattta agcctaccaa cccggacggc ccgggaggag ctaggggttc     1080
acccttcaact atataaacct ctctctctc ctccggccgc cgcctccgaa gccctagctc     1140
ctcccgcgcg cgccgcgcgc gccgcgcgcg cctctccact cgagagaccc agccgcgcgc     1200
gccgcgcgcg cgcgca

```

10

<210> 13

<211> 1210

<212> ADN

ES 2 378 157 T3

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00122 – precursor de la proteína de unión a/b de clorofila (Cab27)

5 <400> 13

```

cagatgccac agtatgggtg accaccagct gctccacacc atgctccacc ggctggccaa    60
ccaatgtatt tcccgaataa atctatcttt atccgatgta caagcaatta gagcaattgc    120
aaatggtgcc tgcaataact gggctctgggt atcttctctt caaattttgg gttgtaactc    180
gtctatgcag ctattcatat tgtaactcag tgagctccct gtcgcaaata gtcctctgcg    240
tcagtcgctg tctgtaaact gtccggcaat tagaaattcc catccttagc atgcctggta    300
ttgttcagct cgaaactgaa atttttcttc gtgccctata ttttttcggt gtagataagt    360
gttccgctgg aattttatgc aggtgctgta ccctatgtgc tgcttttttt ttgtgtgggg    420
cgcccccccg gggggggggg ggggtttcct ggcattgatt caaataagaa ccccggggca    480
aatctgctgg ttggtgcaa ataataacc ctcctaatct gcgcagatga aaccctattc    540
aggacatgaa ttacgattgt tcatgagcta tttggatcat ggaaagattg gaaacaaca    600
cttacgtcaa ggtttctact aattacgtga ttccgatttc agagtcagcc atggctatac    660
tgcctttgct ccagtaaaca tcgctgctct agtaacaacac attgcagtaa acatcacaac    720
tatccaattc ccttgttgcg gctctagtaa aaaacattgc aattatccaa ttcccagata    780
ttttctttca ctactccaaa acctaaagta catatacgtg agttgagtga tccagcaaca    840

```

```

taaaaatccg aggctccgag cgatctgcac caaccatctc acccgtccga cgtggcagca    900
gcaaccagcc acagctgaga cctccatcca atagaaacc cccctttgat tccccggtat    960
cccggcatcc ggataacgct ggataagagg cgacgcctcc cattggccac acccacccaa   1020
caacgcctcc tggccgctcc atccacccc accgcccgat tccgcccgtc gtcgcccgcc   1080
tcgccaccgt ggccacctgg cagcgcgggc cactcccgga cagtttaata caagccacgc   1140
ctttgctccg tgccggccaa aacgtaccct tgtgactaca cccgcttcgc ttccctccct   1200
ctctaagccg

```

<210> 14

<211> 1179

10 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00123 - reductasa de protoclorofiluro putativa

15 <400> 14

ES 2 378 157 T3

```

ttgcagttgt gaccaagtaa gctgagcatg cccttaactt cacctagaaa aaagtatact 60
tggcttaact gctagtaaga catttcagaa ctgagactgg tgtacgcatt tcatgcaagc 120
cattaccact ttacctgaca ttttggacag agattagaaa tagtttcgta ctacctgcaa 180
gttgcaactt gaaaagtgaa atttgttcct tgctaataata ttggcgtgta attcttttat 240
gcgttagcgt aaaaagtga aatttgggtc aagttactgg tcagattaac cagtaactgg 300
ttaaagtga aagatggtct ttagtaatg gagggagtac tacactatcc tcagctgatt 360
taaatcttat tccgctcggg gtgatttcgt caatctcca acttagtttt tcaatatatt 420
cataggatag agtgtgcata tgtgtgttta tagggatgag tctacgcgcc ttatgaacac 480
ctacttttgt actgtatttg tcaatgaaaa gaaaatctta ccaatgctgc gatgctgaca 540
ccaagaagag gcgatgaaaa gtgcaacgga tatcgtgccca cgtcggttgc caagtcagca 600
cagacccaat gggcctttcc tacgtgtctc ggccacagcc agtcggttac cgcacgttca 660
catgggcacg aactcgcgct atcttcccac gcaaaacgac agatctgccc tatctggtcc 720
caccatcag tggcccacac ctcccattgt gcattatttg cgactcccat cccgtcctcc 780
acgccccaac accgcacacg ggtcgcgata gccacgacct aatcacacaa cgccacgtca 840
ccatatgtta cgggcagcca tgcgcagaag atcccgcgac gtcgctgtcc cccgtgtcgg 900
ttacgaaaaa atatcccacc acgtgtcgtt ttcacaggac aatatctcga aggaaaaaaa 960
tcgtagcggg aaatccgagg cagcagctgc gattggctgg gaggcgtcca gcgtggtggg 1020
gggcccaccc ccttatcctt agcccgtggc gctcctcgct cctcgggtcc gtgtataaat 1080
accctccgga actcactctt gctggtcacc aacacgaagc aaaaggacac cagaaacata 1140
gtacacttga gctcactcca aactcaaaaa ctcacacca 1179

```

<210> 15

<211> 1808

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00133 - chitinasa Cht-3

<400> 15

ES 2 378 157 T3

```

ttggcgcg  ggcagaag  tggacttta  ctttctttt  aataaaatct  ccaattaata  60
tgtaattata  atatactttt  aatcaaaaaca  tgcaaagcta  gcagtattta  catcactaga  120
agtaaatctt  tcttgctcat  gatgcttcag  cgggacggaa  ccctaaaata  tagatggggc  180
ggatacactc  gattaaaaca  gctaattgca  acacatatca  tataaggttt  tggattcat  240
accaaagtct  ccgaaattcg  tctatcttca  tgaggcccaa  gacatgacct  cctgtttcgc  300
ccatagttta  tgggtgttgg  taaaatttgg  ttaaaatctg  tctatctttag  taggtcccga  360
aattcttatg  caattgaatc  ctagaaccct  atcatattta  tattgcaatt  gcacaaaaat  420
aatgtgcaat  caatatattc  caattgcaat  acatatcaag  catgagggtg  aatacatatc  480
cagccgctag  cactgggtct  gttgaggtgc  ttcttgacg  aacagctgca  atctgtttgg  540
ctaggctggt  ggcgccaggc  actgctgtcg  tgctgcaaca  atggcacatt  cgtcgagcac  600

```

```

acaaccgcbc  ctatgcacag  cgcaagctcg  ctgccttgg  ccgtggttcc  agtgttgcac  660
caaggcttag  tggattgagc  gagaagacga  actgacaatg  ccaaagatgc  gatgctgcca  720
gtgtggactg  cggaagatga  atcgagatca  atcaattcgt  tatgcttgaa  aggctggaat  780
aactgatcag  ttggctggat  cgatggtatg  tactagataa  tatgctgct  aggcctagac  840
caagaagcag  aagaggagtc  gggctcgggag  tgtggggcga  cgtaggctgt  agctgggccc  900
gccgccccag  gccgccta  gagtgtgtcc  gccctggcc  tgacacgatg  ggtaattaaa  960
tagttatgca  tgtccctctt  tgtctaaaca  atatgtataa  aattgacgat  atctggggca  1020
aatcactgg  gcatggcaca  caggagagct  actttagcga  catgaatcta  ggcgaaaatc  1080
tattgaacca  aaaatcgact  gtaatctcat  gaaaattttc  gtcataatta  tagcaaaatc  1140
gttgttggat  tgattgcacg  agaaaacaga  agaagggagc  taggtgatat  tatattgttt  1200
tgttgcttac  ataaatctta  aagcaatcga  atgggtctaaa  atttacaaga  tttttaaaga  1260
ggttttcgta  ccgtatagac  cccggccggg  tcaacttat  ttggtcgtcg  ctggttgttt  1320
gtagcacgcc  agctccatat  atgtggattg  cagctggtct  atgataagtt  cggctgatct  1380
gagatcaatc  tatcaatcgt  caaccctttg  cctttgttag  cgagctagcg  tgtacacatt  1440
tcaattatat  atgggtgcatg  catggcatcc  acgctccac  ggtcaacgtg  gaaatatctc  1500
tggaaactta  ctttttctaa  ataactgaac  ggattggagg  caggagacaa  atttgaccaa  1560
cacaatatat  ccacgacggc  tagacaatac  tagtagatgc  atgcatgga  ggatatagta  1620
gtacttgta  atcgtggaaa  ctttggtaat  gcgaatgcat  ttcaattcgt  tgctgaagat  1680
cgatgcacca  tgcatatcca  tctctatata  aagccatgcg  atcccccca  ttcttgca  1740
cacactagct  acttctactt  ctatcatacc  aaacaaacta  gcttaatttg  cattgcatca  1800
cattgccg

```

<210> 16

<211> 1828

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PRO0151 WSI18

<400> 16

ES 2 378 157 T3

```

gcttgagtca tagggagaaa acaaatcgat catatttgac tcttttccct ccatctctct 60
taccggcaaa aaaagtagta ctggtttata tgtaaagtaa gattctttaa ttatgtgaga 120
tccggcttaa tgcttttctt ttgtcacata tactgcattg caacaattgc catatattca 180
cttctgccat cccattatat agcaactcaa gaatggattg atatacccc tattactaat 240
ctagacatgt taaggctgag ttgggcagtc catcttcca acccaccacc ttcgttttc 300
gcgcacatac tttcaaact actaaatggt gtgtttttaa aaaatatttt caatacaaaa 360
gttgctttaa aaaattatat tgatccattt ttttaaaaa aatagcta atactaattaa 420
tcacgtgta aaagaccgct ccgttttgcg tgcaggagg ataggttcac atcctgcatt 480
accgaacaca gcctaaatct tgttgcctag attcgtagta ctggatata taaatcatgt 540
tctaagttac tatatactga gatgaataga ataagtaaaa ttagaccac ctttaagtctt 600
gatgaagtta ctactagctg cgtttgggag gacttcccaa aaaaaaagt attagccatt 660
agcacgtgat taattaagta ctagttaaaa aaacttaaaa aataaattaa tatgattctc 720
ttaagtaact ctctataga aaacttttac aaaattacac cgtttaatag tttggaaaat 780
atgtcagtaa aaaataagag agtagaagtt atgaaagtt gaaaaagaat tgttttagta 840
gtatacagtt ataaactatt ccctctgttc taaaacataa gggattatgg atggattcga 900
catgtaccag taccatgaat cgaatccaga caagttttt atgcatattt attctactat 960
aatatatcac atctgctcta aatatcttat atttcgaggt ggagactgct gctatgtttt 1020
tctgcccggt gctaagcaca cgccaccccc gatgcgggga cgcctctggc cttcttgcca 1080
cgataattga atggaacttc cacattcaga ttcgataggt gaccgtcgac tccaagtgct 1140
ttgcacaaaa caactcggc ctcccggcca ccagtcacac gactcacggc actaccacc 1200
ctgactccct gagcgggacc tgccactggt ctgcatgca agctatctaa aattctgaag 1260
caaagaaagc acagcacatg ctccgggaca cgcgccacc ggcggaaaag ggctcgggtg 1320
ggcgatctca cagccgcata tcgcatttca caagccgcc atctccaccg gcttcacgag 1380
gctcatcgcg gcacgaccgc gcacggaacg cacgcggccg acccgcgcg ctcgatcgcg 1440
gagcccatcc gcccgctcct ccctttgcct ttgcccgtat cctctcggtc gtatcccgtt 1500
tctctgtctt ttgctcccc gcgcgcgcca gttcggagta ccagcgaac ccggacacct 1560
ggtacacctc cgccggccac aacgcgtgc ccccctacgt ggcgcgcgag cacatgccca 1620

```

```

tgcgcgacac gtgcacctcc tcaccaaac tctcaagtct caacggctcct ataaatgcac 1680
ggatagcctc aagctgctcg tcacaaggca agaggcaaga ggcaagagca tccgtattaa 1740
ccagcctttt gagacttgag agtgtgtgtg actcgatcca gcgtagtttc agttcgtgtg 1800
ttggtgagtg attccagcca agtttgcg 1828

```

<210> 17

<211> 1267

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00169 - acuaporina

<400> 17

ES 2 378 157 T3

```

cgctcctcctt ttgtaacggc tcgcaaatac aatggggtgt ttagattcat gtcattttaa 60
atcatattat tttttataaa gttatcaaaa tgtacatata tttatattt tttaccaaac 120
tttactaaat gagataatcc aacaaatggc atttaaagcg ttcaaatacca agaaatgcca 180
tcgcccgttat gcttccgtcc gtttcaagcc gttaaaatac aatggtcatc ctataacact 240
taatgggtgtg gaatggacgg aaccctaacg gcgatggcat ttttgggata aagtcgtttg 300
tacgatggca tttcttagaa ctcatatttg tcgatggcat tttttgaatt tggatgattg 360
tcaatgggat tttttggatt atctcttagt aaatacataa ggaatcatgc caaaacttga 420
caatattgtc aacttatcaa aatttaattg ggattatttt ggcgataata tgaacagccc 480
ttacatttct gaagaattat agctcaaata tggctatggc cctgtttggg ttcggagggc 540
tatttaatag ccctccggaa tcttgctatt taagagtatt aaacgtagat tactgataaa 600
actcattcca taaccctac gctattctac gagacgaatc taacgaggta tattaatcca 660
tgatttgcta cagtaatcag ccgctaactg tggattaata tacatcatta gattcgtctc 720
gtaaaatagg ctagggatta tggaaatcggg tttatcggta atctatgttt aatacttcta 780
aatagcaaga ttccgaaggg ctatttaata gctcggagca tccaaacaag gcctatgttt 840
agatccaaac ttccaacttt ttctatcaca ttaaactgtc atacatacat aacttttcag 900
tcacatcgta ccaatttcaa cccaaacttt caactttgga agaactaac acagcatatg 960
acagtgcagt tcagctcaat tttgttcgga gcctaaaaaa aagaaaagaa aaaaagctca 1020
at ttggataa ggctatgaat aaactcaaaa aagcatccaa cctaaccacc aacttgccc 1080
accagggccc acgctccact cccgtgatca tcacctcctt ccctttccag aaccaccttc 1140
tccttccttc ctctctctct tcttcagtgt actctgcctt tataacaccc tactctctc 1200
tctcacctcc accatctagc tcactcacac agtctccact cacacgcatt gcagaggaga 1260
ggcgaca 1267

```

<210> 18

<211> 1130

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00170 – proteína del grupo de movilidad alta

<400> 18

```

catgcccgtc atgtagatgc tcactgcgct agtagtaagg tactccagta cattatggaa 60
tatacaaagc tgtaatactc gtatcagcaa gagagaggca cacaagttgt agcagtagca 120
caggattaga aaaacgggac gacaaatagt aatggaaaaa caaaaaaaaa caaggaaaca 180
catggcaata taaatggaga aatcacaaga ggaacagaat ccgggcaata cgctgcgaaa 240
gtactcgtac gtaaaaaaaaa gaggcgcatc catgtgtgga cagcgtgag cagaagcagg 300
gatttgaaac cactcaaadc caccactgca aaacttcaaa cgaggccatg gtttgaagca 360
tagaaagcac aggtagaagc cacaacgccc tcgctctcca ccctcccacc caatcgcgac 420
gcacctcgcg gatcgggtgac gtggcctcgc ccccaaaaaa tatcccgcgg cgtgaagctg 480
acaccccggg cccacccacc tgtcacgttg gcacatgttg gttatggttc ccggccgcac 540
caaaatatac acgcccgcgc gcccaaaatt tccaaaatcc cgccaagcc cctggcgcgt 600
gccgctcttc caccagggtc cctctcgtaa tccataatgg cgtgtgtacc ctccggctggt 660

tgtacgtggg cggggttacc tgggggtgtg ggtggatgac ggggtggccc ggaggaggtc 720
ggccccgcgc cgtcatcgcg gggcggggtg tagcgggtgc gaaaaggagg cgatcggtag 780
gaaaattcaa attagagggt gggggcgggg gcccttggag aataagcggg atcgcagata 840
tgccccgtac ttggcttggc tcctcttctt cttatccctt gtccctcga ccccgcttcc 900
ttctctctc tcctctctc ttctctctc tgggtgtgtg ggtgtgtccc tgtctcccct 960
ctctctctc ctctctctc cctctctctc ttccccctc tcacaagaga gagagcgcca 1020
gactctcccc aggtgaggtg agaccagtct ttttgcctga ttcgacgcgc ctttcacgcc 1080
gcctcgcgcg gatctgaccg ctctccctgc ccttctcga ggattcagcc 1130

```

10

<210> 19

<211> 1230

<212> ADN

ES 2 378 157 T3

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00171 - proteína RGP1 reversiblemente glucosilada

5 <400> 19

```

tagtaccatt cttccctcgt gagcataaat gtattcatac aaaatagtaa aatgtatcct      60
cacaaaagatt gtaagtatat ctgcgaacta taaatatggt gtcatttttag taacaattgt     120
tcataaaata gtaatcatgt tctccataac agtaaatgac gaggcgtaa tagtggttta     180
ggttctcatg attgtaaatg ttgagtcgct tgtagcggct taagatatag tagagagtat     240
atctagtttt atcaagacaa acattgcgta atgcctcggga cctaataataa aagtaggaat     300
tttaacccttt gagaaactgt aaccaattga aactgcaagc tttaaaaaaa catctattgg     360
aagtgatatt atatagacaa aataagtttc ttactcttac tctctcagtt tcaagttata     420
aaatgttttg gctttgggtca aaatcaaact tcttcaagtt taatcaagtt tatagaaaaa     480
atagtaatat ccaagataaa tttattataa aaatatattt aattattatt ttaataaaaa     540
taatttggta atgtaaatat tactatattt gtctataaac ttagtcaaat ttaaaacagt     600
ttaactttga ccaaagtcaa aacatcttat aacctgaaat ggatggagta tttgtttggt     660
tctatttttag gaaacggccg tttctttcca ttgattttga gataagcaga gctttaaacc     720
actgccacta ttgtgcattt catttgattt aacactttta ccccttatct ccaataaaaa     780
cgatattaag atacccttat cttttatcca ccgcttgtaa caaaccaaaa aaaataaaaa     840
ttcaaacctt ctacactggg acacacggtc tctctttcca tgcaccgaca ggtctctccc     900
agatccaacc caaaataaat ttggacgcat cccaaaattc ggcaaacata tgacgcaaac     960
caaaacaaaa taggcacaaa ataataaat actcctatct aattaattat acacaatttt    1020
ttttaaaaaa aaagcaaggc aagcgaagca aagcaaagaa ggaacgaat acaaaagtcg    1080
tcgtcctccc ggagctcccc ctctataaat cgctcctcct cccacccac ccaaacccac    1140
acacacctca cacctcacca ccatcacctc ctctcctcct tctcttctct ccgcgcgcgc    1200
gagatccagg gagagggaga gggagagatc                                     1230

```

<210> 20

<211> 1234

<212> ADN

10 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PR00173 – MDH citosólico

<400> 20

```

gtttggttg tgaccgcaat ttgctatacc aaaatccttag acacagttga attaagctac      60
actttattag cacattggcc cgtgcggtat attgtcattt tctagccaaa gtttgccata     120
attgtggcta acaaattggt gccacattt tggctacggt cgataggaca tgttccaac     180
ttctccttct cgtttttcgc gcgtacgctt tttcaaactg ttaaaccggtg tgtttttg     240
aaaatatttt ttacgaaag ttgcttaaaa aattatatta atctattttt tttaaaaaaa     300
gtagctaaaa cttaattaat ctacgcttag acgctgcttc gttttacgtg tcgggtaccc     360
aacctcact cccgaacaca gcctttgtgt ggtttactac agttatagta aagctagtct     420
ccatccaaac aatcctttag tccatataac ttcgtatact ccaaaattcc actcgttcta     480

```

15

ES 2 378 157 T3

```

cggacatcac taatacgaag atcaagtgga agatagatat ttttaatgac atgttatatt 540
cagtgaacac ttgaggtcct cacgatccac aaacacacat tttcgtagat aagttctgaa 600
atactccata cggcgggtgt cacgatgtca tgatcgtcgt tacccaagga agaagaaaag 660
agtggcatct tctccacgcc agtgttccca acggagcadc ttttcttccc ccacacggca 720
tcgacgtcac actttctggt gcaaacttta ataattagtc caaaaacaaa aaaagaattt 780
cggccacatc ttctccggaa acgccagggtg ggccccacct gcatcactga cagcctgtcc 840
ccacaacgcg cagtcgtgtc cccacctgtc aggatggttag cgtctccggt gcaggtttcc 900
cagatcccat cgccgatctg tgggccagcg cccacgggtg cacgcccgcg cacacctggc 960
tccaaccac ccaccccacg cgctccgtgg cggacagcgt ggacccacct aggtggggcc 1020
caccgtcagt gggagatggg taggggagcc cccacgtggg agcaacgggg gttctccggg 1080
ctccccgtcg ccgcgaggtt aaataacggc caccctttc cccctctctc gcaaaactca 1140
cccaaaagag cagcgtcggc tctctctc cccctaacc cctacgcttc cagaaccttc 1200
tcgaagctcc cgctccccc ccccttccgc tcca 1234

```

<210> 21

<211> 1553

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> PRO0175 RAB21

<400> 21

```

gtcaccaccg tcatgtacga ggtgcttca ccactgcctc actgccacca gcgtctccc 60
ccgctgcaaa tacaagaaga aacatcgaac ggtcatataa ggtaagacc actaccgatt 120
taacctatca ttcccacaat ctaatccact tatttctctt cccatgatct tctctctca 180
tttctctca ctacttttgc atttgttaga aacacaatga caccgtcga gaaagctggt 240
ggagcaccgt agccagcaat caccaaaaaca cagaggggag gaggtcggca gcggccatgc 300
ggacggcgat gagacaacgc gacgcaaaaga gggaggagga cgttggcgat catgctggtg 360
ttggcggagg aggtcactgg ccatgcgaat gacagcgggg cagcgcaaca caaaaagggg 420
ggaggatgcc ggcgaccacg ctagtaccat gaagcaagat gatgtgaaag ggaggaccgg 480
acgagggttg gacctctgcc gccgacgtga agagcgtgat gtgtagaagg agatgtaga 540
ccagatgccg acgcaactta gccctgcaag tcacccgact gcataatcgt gcttgccctc 600
gtcctcatgt acacaatcag cttgcttatc tctccatact tgcgtttgt tcccgtggc 660
cgaaatagaa gaagacagag gtgggtttt ttggagagtt ttagtggtat ttagggccta 720
tttgaattt tgttgtactt tattgtatta atcaataaag gtgttctatt ctattttgac 780
tcaatggtga atccattgat ctcttgggtg tgcaactcagt atgtagaat attcattccg 840
ttgaaacaat cttgggttaag ggttgaaca tttttatctg ttcggtgaaa catccgtaat 900
atcttctgtg aaacaatttt tatccgacag caccgtccaa caatttacac caatttgac 960
gtgtgataca tagcagtcac caagtgaac tgaccaccag ttgaaaggta taaaagtga 1020
acttatccat ctaaaagacc gcagagatgg gccgtggcgg tggctgcgaa acgacagcgt 1080
tcaggcccat gagccattta ttttttaaaa aaatatttca acaaaaaaga gaacggataa 1140
aatccatcga aaaaaaaaaa ctctctacg catcctctcc tatctccatc caccggcagc 1200
actcatccaa accgtccatc cacgcgcaca gtacacacac atagttatcg tctctcccc 1260
cgatgagtca ccaccgtgt ctcgagaaa cgctcggccc gacaccgtac gtgcgccacc 1320
gccgcgctg ccgcctggac acgtccggct cctctcccgc cgcgctggcc accgtccacc 1380
ggctcccgca cagctctccc tgtctccctc caccatgcc gtggcaatcg agctcatctc 1440
ctcgcctcct ccggcttata aatggcggcc accaccttca cctgcttgca caccacagca 1500
agagctaagt gagctagcca ctgatcagaa gaacacctcg atctctgaga gtg 1553

```

10

<210> 22

<211> 1087

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

ES 2 378 157 T3

<221> misc_feature

<223> PRO0177 - Cdc2-1

<400> 22

```

cagacaccta gaatatagac attcccaaaa aataatcact atgcatcagc atcactatac    60
atgacttggg tctagtgatg gaagtggata gttccactac ctacataaaa acccactact    120
agtttattac ttttcacatg atagcataaa atttaaagaa aaaataaaca gaagtggaat    180
aagcgaaaaa ccccgcttac cgcgccatt tacatcccta cttggatcct gcatgtcagt    240
aagatatcag aattatatgt tttagaatta tatgtttttt tggaaagtgg aaatcggatt    300
attagacgca acataccaag tggcgtatac ttggcttcac tctttccatc agagcaagcg    360
taaaagatca cgtattcacg tcacatggag taactgagcg aatTTTTTTC atTTTtaaat    420
TTTTgttttt taatattttac ataaatatta taccggcgaa aatatttaca aaagtagacc    480
ctgctgccct tctccttctc gagaagagcg gcagggtgat gtcagggaca gaaataaact    540
ccaaaaatgc atTTTTggct gggcgaaaat tgcacttacc cccttgctgc cctctacaaa    600
ggttgcaagg gacctcagtg caaaatcgc acaccttgcc gtcctccact tggacggcat    660
gggctatttc tgtaaaatatt ttggatggta taatatttct gtaaataatta aaaaataaaa    720
atttaaaat gaaaaaatc tatctgggct cccttctctc atctcacacg gcccaccaca    780
caatcccggc ccacatattt cctgggcca tttccgtgtg aatggagacg gcccattggc    840
gcgcacatgc ggaaaagcgt acacacgatt cgaatttga aatctcaaaa agcgcctggt    900
agagcgcgtc ccctccaacg gctatcccca atacaaaaga tcaactcgaat ccccccaaa    960
tcgaccaaaac cctaaatcca cgcgcattcc acaccacca accagcgaga gagagatggc   1020
ggcgcctccac caccaggcgg cggcggcgcc ggtgacgacg acgacggacg ggggcgagct   1080
gcgggcg

```

5 <210> 23

<211> 1272

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

10 <221> misc_feature

<223> TC89946 (PRO0110)

<220>

<221> misc_feature

<222> (17)..(17)

15 <223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (50)..(50)

<223> n = cualquier nucleótido

20 <400> 23

ES 2 378 157 T3

```

tttgacgact gaatcgnngc tgcctctgc ggcggccgct ctagattagn gtttcccctg      60
tctgttgtaa ttcggcacga gggctgatca agagctctta attagctagc tagtgattag      120
ctgcgcttgt gatcgatcga tctcgggtac gtagcaatgg cgtccaagc gttcgcctctg      180
ttcctggccg tgaacctcgt cgtgctcggg gtggcaagcg cctgcggcgg cagcccgtcg      240
tgcccgacgc cgacgccgtc gaccccgaca ccgtcaacgc cgacgccgac gccgtcggcg      300
ttcgggaggt gccccgcga cgcgctgaag ctggcggtgt gcgccaacgt gctgggcctg      360
atcaaggcca aggtgggctg gcctccggcg gagccgtgct gcccgctgct ggaggggctc      420
gtcgacctcg agggggcggt gtgcctctgc acggccatca ggggcaacat cctcggaatc      480
aacctcaacc tccccatcga cctcagcctc atcctcaact actgcggcaa gaccgtcccc      540
accggcttca agtgctaagc agcgtgcata tgcaatgcct gcatgggttg atcctacgta      600
cggtgattag ttggctttga cgactcttga ttgatttgc ttgctgctct gtttatttgc      660
tactacgtta cgtacgtact ttgcatgcaa cgcaacgcat gatcgatcgt gcatgctggc      720
tgtttgtagc tatacggta ccagtttggg ttctctctgt actctctcct ttgtcttctt      780
tgtagtactc ttattcccgc tatccgtacg tgcgatttg ttgtaagggc cggtgctagc      840
ttgtgtgccc gtaccaactt ctaataaagc tatgggtgga acttcaaaaa aaataaaaaa      900
aaaactggag ggggggcccg ggtccaattt agactataat gagtttaaca ccccgctcat      960
cggccgaaga taacaacacc gggcttgaa aacctagact gcccaactaa tggacggaag     1020

```

```

acagactctt ggactgaaac tgaacgaaac aagaccacc accccatcta accacagcca     1080
cctaccgcca aagattccaa taatgtgaat cagtcggtaa tagaacactc ctcttgtagc     1140
atcttactgc ccgcgccacc cctcggtagc cacttatata tatcgggccc tagtaatttc     1200
ctggttccgt cacttccctc atcgcacctg ctagtctggt cttacatacg tgcgtcctct     1260
tattatcgag cg                                             1272

```

<210> 24

<211> 2425

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC90358 (PRO0005)

<220>

10 <221> misc_feature

<222> (1558)..(1558)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 24

ES 2 378 157 T3

```

ccccattga ataattatTT taaataatTT aagTTTTTT tTTTTgctt tagatatatt      60
cccaatcccc aacctcccaa taatccgatc tctcccagtt ctggtcggat caaggctgtg      120
tcgatcgcaa aaaagaaaaa aaaaacaatt tctTTTTggg gtggttcatc tgttgatcac      180
ttctttgttt cccgcgtttt gttggggatt cgattttcgg gttaaagatt tctacacgat      240
ggccttgaac ttggctcaga gcgccgcggc ggcagcgtgc ttcgcgaccg ccggtgatgc      300
gcgcgagct gcttcggtgg tcgccatgcc gtcgtcgtcg tcgtcggcca cgacgagcct      360
gaggatgaag aggcaggcgg cgtgcgagcc ggtggcgtgc cgggcggtgg ccaggcacgt      420
ggcggcggcg gcggcagca ccaggaggaa cggcgtgccg gtgttcgtga tgatgccgct      480
ggacacggtg agcaagtgcg ggagcgcgct gaaccggagg aaggcgggtg cggcgagcct      540
gcggcgctg aagagcgcgg cgtggaggg gatcatggtg gacgtgtggt ggggcatcgt      600
ggagagcgag ggccccggcc ggtacaactt cgacggctac gtggagctca tggagatggc      660
ccgcaagacc ggctcaagg tccaggcgt catgtccttc caccagtgcg gcggcaactg      720
cggcgactcc gtcaacatcc cgctcccag gtgggtgggt gaggagatgg agaaggacaa      780
cgacctgcgc tacaccgacc aatggggacg ccgcaacttc gagtacatct cctcggctg      840
cgacgccatg cccgtcttca agggccgcac gcccgctcag tgctacaccg acttcatcgg      900
cgccttcggc gaccacttcg ctccttctc cggcgacacc atcgtcgaaa tccaagtccg      960
catgggcccc gccggcgagc ttcggatccc gtcctaccg gagagcaacg gcaacctggag     1020
gttccccggc atcggcgctt tccaatgcaa cgacaggtac atgcgtagca gcctgaaggc     1080
ggcggcgagg gcgaggggca agccggtagt ggggccacgg cgggcccagc gacgccggcg     1140
gttacaacaa ctggccggaa gacacggtgt tcttccgcgg cgactcggc ggggtgagca     1200
ccgagtacgg cgagttcttc ctgtcgtggt attcgcagat gctgctggag cacggcgagc     1260
gcgtgctgtc gggcgcgagc tccgtgttcg gcgacggcgc cggcgccaag atctcgttca     1320
aggtggccgg catccactgg cactacggca cgcggtcgca cgcgcccggg ctcacggcgg     1380
ggtaactaaa cacgcgcac cgcgagcggc tacctcccga tcgcgcgat gctggcgcg     1440
cacggcgccg tgctcaactt cacctgcgtg gagatgcgg accacgagca gccgcaggag     1500
gcgcagtgca tgcccagggc gctcgtcagg cagggtggcc cgcgcgcgcg cgcggcgnga     1560
cgtcgggctc gccggggaga acgcgctgcc gcggtacgac ggcacggcgc acgaccaggt     1620
ggtcgcgcc cccgccgacc gcgcgcgcaa ggaccggatg gtgccttca cctacctccg     1680
gatggggccc gacctcttc acccggacaa ctggcgcggg ttcgtcgcct tcgtccgcg     1740
catgtccgag tccggctcgc cgcgggaggg ccgagagcgc gccgcgcacg gcgtcgcgca     1800
ggccaccggc tcgctcgtgc acgagggccc ggtcgcgctc cggagctagc accggtcaga     1860
cgctcatata caccgtcgc tcgaggtcgg attccgatgt gggatcattc gatctccctt     1920
TTTTTTTTt tTTTTtgc atTTTgtaca gcTTTTTgg gagctttgga tttgtgcttt     1980
ttgtctcggg aggaaaaccg ctctggaggt cgaagagagc gtcattttcc tcccgttga     2040
gatcacgaat catttacgtt agagatgatg taattaagca gggaggggag gggaacacac     2100
acacactggc actcaaaagt tgtttgcacg cttggggaat atatccattt ccagccaaaa     2160
aaaaaacgca gaaatgcgtt gtgttcttgc gctctggttc gttgctgctg tgggtcagat     2220
tcagctggtg aaaaaactac agtactactg aaactgaaac tactagagcc tagagggaga     2280

```

```

ttaagctaag ttaattgcac gagtaattac tccacggttg tgtttagggt ctacgtcggc      2340
agatTTTgct ttctggtaga tccctaacct tatgtttggt gggaaTTTta taaaggagct      2400
aagTTTgcct attgatttgc aatct                                           2425

```

<210> 25

<211> 3410

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC83635 (PRO0009)

<400> 25

ES 2 378 157 T3

ccatggacac cgcctccgtc accggtggcg agcacaaggg gaaggagaag acgtgcccgg 60
 tgtgcccga ggaggtggcg gcgagggagg acgggaagcc gttcgtggcg tgcgccgagt 120
 gcggttccc ggtgtgcaag ccctgctacg agtacgagcg cagcgagggg acccagtgct 180
 gccccagtg caacaccgcg tacaagcgcc acaaagggtg cccacgggtg gaaggcgagc 240
 aggacgacgg cgggcacatg gacgacttcg aggaggagt ccagatcaag agccccacca 300
 agcagaaacc cccccacgag cccgtcaact tcgacgtcta ctcggagaac ggcgagcagc 360
 cggcacagaa gtggcgcctt ggaggcccgg cgtctcttc cttcaccgga agcgtggctg 420
 ggaaggatct ggagcaggag agggagatgg aggtggcat ggagtggag gacaggatcg 480
 acaagtggaa gacgaagcag gagaagcggg gcaagctcaa ccgagcagc agcagcagc 540
 acgacgacaa gaacgacgac gactacatgc tctcgcgga ggcgaggcag ccgctgtgga 600
 ggaaggtgcc gatcccgtcg agcaagatca acccgtaccg gatcgtgatc gtgctccggc 660
 tgggtggtct ctgcttcttc ctcaagtcc ggatcacgac gccggcgatg gacgcggtgc 720
 cgctgtggct ggcctcggtg atctgcgagc tgggttcgc gctgtcgtgg atcctcgacc 780
 agctgcccga gtggctcgcg gtgacgaggg agacgtacct ggaccggctg gcectccggt 840
 acgagcgcga cggcgagcgg tgccgctgg ccccgatcga tttctctgtc agcacggtgg 900
 acccgctcaa gcagccgccc atcatcacgg ccaacaccgt cgtgtccatc ctcgcccgtc 960
 actaccctgt ccagcgcgtc tctcgtctac tctccgacga cggcgcgtcc atgctgctct 1020
 tcgacacgct ctccgagacc gccgagttcg cccgcccggg ggtccccttc tgcaagaagt 1080
 tcacccatga gccccgcgccc cccgagttct acttctccca gaagatcgac tacctcaagg 1140
 acaaggtcca gccacccttc gtcaaagaac gccgcgccat gaagagagag tatgaggagt 1200
 tcaaggtgag gataaacgct ctggtggcga aggcgcagaa gaagccggag gaaggtggg 1260
 tgatgcagga cgggacgcca tggccgggga acaacacgag ggaccaccgg gggatgatcc 1320
 aggtgtacct gggcagccag ggcgcgctcg acgtcgaggg cagcgagctg ccgcccgtgg 1380
 tgtacgtgtc ccgcgagaag cggcccggct acaaccacca caagaagcc ggcccatga 1440
 actccctcgt tcgcttctcc gccgtgctta ccaacgcccc ctcatcctc aacctcgact 1500
 gcgaccacta cgtcaacaac agcaaggccc tccgagaggc catgtgcttc ctcatggaca 1560
 agcagctcgg caagaagctg tgctacgtcc agttccccca gcgcttcgac ggcacgacc 1620
 gccacgatcg ctacgccaac cgcaacaccg tcttctcoga catcaacatg aaggggctgg 1680
 acgggataca gggccgggtg tacgtgggga cggggacggt gttcaacagg caggcgctgt 1740
 acggatacga cccgcgcgcg cgggagaaga gccggaagat gacgtgagc tgctggcct 1800
 cgtggtgctg ctgctgctgc tgcttcggcg gggggaagcg cggcaagtgc cacaagaaca 1860
 agaagggcgg cggcggcggc gaggcggcg gcctcgacga gccgcgccc ggggtgctcg 1920
 ggttctacaa gaagaggagc aagaaggaca agctcggcgg cggcggcggc tcgctcgcc 1980
 gagggagaag aggttaccgg aagcaccagc gcgggttcga gctggaggag atcgaggagg 2040
 gcctcgaggg gtacgacgag ctggagcgtc cgtcgtcat gtcgcagaag agcttcgaga 2100
 agcgttccg ccagtcgccc gtgttcatcg cctccaccct cgtcgaggac ggcggcctcc 2160
 cccagggcgc gccgcgcgac cccgcgccc tcatacaaga ggccatccac gtcacagct 2220
 gcggctacga ggagaagacc gactggggca aggagattgg gtggatctac gggctgggtga 2280
 cggaggacat cttaaccggg ttcaagatgc attgcccgtg gtggaagtgc gtgtactgca 2340
 cgccggcag ggccgcattc aaggggtcgg cgcccatcaa cctgtcgat cgtctgacc 2400
 aggtgctccg gtggcgcctc ggctcgtcag agatctcat gagccgcat tgcccgtct 2460
 ggtaccctat ggcggcccgc tcaagtggct cgagcgttc gcctacacca acaccatcgt 2520
 ctacccttc acctccatc ccctcctcgc ctactgcacc atccccgcg tctgctcct 2580
 caccggcaag tcatcatcc ccacgctaa caatttggcg agcatatggt tcatagcgt 2640
 tttctgtcg atcatcgca cgggggtgct ggagctcgg tggagcggg tgagcatcga 2700

ggactggtgg aggaacgagc agttctgggt gatcggcggc gtgtcggcgc acctgttcgc 2760
 cgtgttccaa ggcctcctca aggtgctcgg cggcgtggac accaacttca cgttgacgtc 2820
 caaagccgcc gccgacgaag accgacgctc tcggcgagct ctaactgttc aagtggacga 2880
 cgctgctggt gccgcgagc acgctgatca tcatcaacat ggtggggatc gtcgcccggc 2940
 tgtcggacgc cgtgaacaac ggttacgggt cgtggggccc gctgttcggg aagctctct 3000
 tctccttctg ggtcatcctc cacctctacc ccttctcaa ggggctcatg gggaggcaga 3060
 accggacgcc cacaattgtc gtgctctggt ccaacctcct gcctccatc tctcctctg 3120
 tctgggtcag gatgcacccc ttcattccca agcccaaggg ccccgctcct aagccatgag 3180
 gggctcgtg ctgagctgct gctgctact ctctgtgtct ctgcatttg caagagggat 3240
 gaccggatgg atgattcttg ttgtatggag tattttgact tggttcatgta caagttttg 3300
 tgagtgggat aaaagtgtt tgggggtaaa atttgtaaga actgaggtgg agattatact 3360
 cgaatttaag aacaattggt tttgaatctt cttttaagat ttttgggagt 3410

<210> 26

<211> 602

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC83117 (PRO0058)

<400> 26

ES 2 378 157 T3

```

ccccccctc gaggttcgac ccaactcgcc gctgacggtt agttccaagg gaaagaagaa      60
atggaggctt cacgcaaggt gttctcggcc atgcttctca tgggtctgct gcttgcagcc      120
actggtgaga tgggcgggcc ggtgatggtg gcggaggctc ggacgtgcga gtcgcagagc      180
caccggttca agggcccgtg cgcccgcaag gcgaactgcg ccagcgtatg caacacggag      240
ggcttccccg acggctactg ccacggcgtc cgccgcccgt gcatgtgcac caagccctgc      300
ccctgatcga tgaaccagca gctagcgcag cagcttgtgc cgccacctcg cgcattgtgc      360
atcgtgtcga tcgatcggat cctagctgcc ctatgaatga ataaaagtgt gtggcttatg      420
cgtggttttc tcttggagaa ctttggcttt tgtgggtgta agttcgcacg ttttgtgcat      480
ccaccatcca tccatcctcc cattctgctt gttctaaggt tatactacta cttgagaagg      540
tgatgcaatt gtgctcaaca gtttattaat acttcatccg ttttaaaatg tttgaccccc      600
tt                                                                                   602

```

<210> 27

<211> 1170

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC89913 (PRO0061)

<220>

10 <221> misc_feature

<222> (15)..(16)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

15 <222> (1162)..(1162)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 27

```

aattcggcac gagannaaaa ggaaaaaaaa acaaaacaca ccaagccaaa taaaagcgac      60
aatgggatcg ctcaccacca acatcgctct cgccgtcgcc gtggtggcag cgctggtcgg      120
cggcggtgct tgcggcccgc ccaaggtgcc acccggcccg aacatcacga ccaactacaa      180
cgccccgtgg ctccccgcca gggccacctg gtacggccag ccctacggct cgggtccac      240

```


ES 2 378 157 T3

```

cgacaatggt ggcgcgtgcg ggatcaagaa cgtcaacctg cctccctaca acggcatgat 300
ctcctgcggc aacgtcccaa tcttcaagga cggcagggga tgcggctcat gctacgaggt 360
gaagtgtgag cagccggcgg cgtgctcgaa gcagccgggt acggtgttca tcacggacat 420
gaactacgag cccatctcgg cgtaccactt cgacttctcc ggcaaggcgt tcggcgccat 480
ggcttgcccc gggaaggaga ccgagctccg caaggccggc atcatcgaca tgcagttcag 540
gagggtgcgc tgcaagtacc ccggcggcca gaaggtcacc ttccacgtcg agaagggctc 600
caaccccaac tacctcgcgg tgctcgtcaa gttcgtcgcc gacgacggtg acgtcatcca 660
gatggacctc caggaggccg gattgccagc gtggaggccc atgaagctgt cgtggggcgc 720
catctggagg atggacaccg ccacgccact caaggcacc ttctccattc gcgtcaccac 780
cgagtccggc aagagcctca tcgccaaga cgtcatcccg gtcaactgga tgcagacgc 840
catctacgta tcaaacgtcc agttctattg agatcggacg gaaacgatcc tcctaattta 900
tttccctatt aatttgttca aatggtttcc ttctataacc tatatTTTTc ccgttgtag 960
aaatggttcc atttccctct acagcttact ttaagatagt tgcgcttgta tatctgcgcc 1020
atcttgtaag ttgtaagatg ctgaagaaca ctatgaattc tgagcatctg attctccggg 1080
aagatttact atgataaaca acagtttgat ttactatgtg tgtccccttg tttattgtat 1140
gctatcctaa tacttatgaa angttttgat 1170

```

<210> 28

<211> 861

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> TC89985

<400> 28

```

ccacgcgtcc gccacgcgt ccgcgatcag cagcagcagc agcttgcaaca ctcgagctta 60
gcttagcttt tgcaagagag atcgagctag agatggagaa gtcgagcaag atgatggcgg 120
tggcggcggg gctggtgctc gcgggtgctg gcgcggcgga ggcgaggaa atcaaggcgg 180
cggcggcggc ggccggcgag agcaaggaca cggtggtgca gccgacgacg tccccccgt 240
tcgaccgctt cgggagcgcg gtgccggcgt tcggcggeat gcccggcagc agcatcccgg 300
ggttcagcct ccccggcagc agcggctcca ccccggcgg cctcggcggc ttcggcagca 360
tgcccatggt cggcggcctc ggccggcggc cacctggcct cggcggcggc atgcccggct 420
ccccccggc cgccgacaag caggccaaga agccatgaga gacctcgccg tcgcccggcg 480
cgtcgcgct gctgocggg taatgtgctc tatgtagcgc acggcgttgc atgcaatatg 540
gatggctata tgacgcgcgc gcgttatatc ttcatatgtg cagttagctt gcaactgtgtc 600
tagctagcgt tctattatga gtagtgctc ttctatctct tttctttaca tgcatttggg 660
ggaggattat tctatctggt tgttggttgg ttgtgttgt ttgttttaaat taggtccctt 720
cttataatTTT gtgttttaaat taagtctgtg atcatgtagt agtactacca ctgtttcgag 780
ctcagggcat gaataatgct aaatgtgatc attattgtgt tattgtatgg tgatggctat 840
atatattact atctctgctt c 861

```

10

<210> 29

<211> 1252

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

15 <220>

<221> misc_feature

<223> TC89891 (PRO0081)

<220>

<221> misc_feature

<222> (5)..(5)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 29

cccangcgtc cgaaccaatc gactcgcacc accaccagca gctcaagcag caacagctca 60

```

aacggaggaa gatctcatcg ccatgacgac cggcaatggc gacgcaccgg tgatcaagaa 120
cgcccacagc gacatcgaca gcaccaacaa gacgtgctc aagagcgacg cctgtataaa 180
gtatgtcctg gacacgacgg tgctgccacg ggagccggag tgcatgcgcg atctgcgctt 240
catcacggac aagcaccagt gggggttcat gcagtcgctg gcggatgagg cgcagtgctg 300
gggatgctgc tgaagatggc cggagcgaag aggacaatcg aggtgggtgt cttcaccggc 360
tactcgtcgc tggcgacggc gctggcgctg ccggaggacg ggaaggtggt ggcgatcgac 420
ccggacaagg agagctacga gatcgggagg ccgttcttgg agaaggccgg ggtggcgcac 480
aaggtggact tccgcgaggg gaaggggctg gagaagctgg acgagctgct cgccgaggag 540
gcgccgaggg ggcgagggc ggcgttcgac ttcgcttcg tggacgggga caagcccaac 600
tacgtcaagt accacgagca gctgctgcag ctggtgcgcg tcggcgggca catcgtgtac 660
gacaacacgc tgtgggcccg cacggtggcg ctgcccggcg acacgccgct gtcggacctg 720
gaccggaagg tctccgtcgc catcagggac ctcaactcca ggctcggcgc cgacccgccc 780
atcgacgtct gccagctcgc catcgcggac ggcatcacca tctgcccggc cctcgtgtga 840
ggtcagagacc gagaccttac cggccgatcc atccatcgt ctcgctgcat taattaacgt 900
gtgttgctgt actcttctac tgctacaact atactattac ttccttaatt gccgcttaaa 960
ttttcctata cgtgtttcaa tcaatgagat tattatattc ttcgagcatg agagagacgg 1020
agttgtaggg acatttgatg atggttgta ctgtactaca tgttgataag tgcaacatct 1080
ctttccatgg ttgctactct actcaccgtg tcatgttggg tgcggatttt gatctcatct 1140
gcaagatgga ctactggggc ccaaaatgga acagactggt ccctcgatcc tgcaggagct 1200
tgcacctgtt gcaagggcct ttttaactgg ctaactaggt gggtaagtag gg 1252

```

5

<210> 30

<211> 671

<212> ADN

<213> Oryza sativa

10 <220>

<221> misc_feature

<223> TC89670 (PRO0091)

<220>

<221> misc_feature

15 <222> (3)..(3)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (14)..(14)

20 <223> n = cualquier nucleótido

<400> 30

ES 2 378 157 T3

```

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

```

<210> 31

<211> 436

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC89883 (PRO0095)

<400> 31

```

cctcgagggg cgaccacgc gtccgctctc ctctcttctc tcgccctcac cgctcgccga    60
ggttgccgct tccttgtctc ctccgctcct tgcgcccgcg ccgacgacgag tcgccccggag    120
gggcccggat ctccatctcc atctgaggcg aggagagcag gggaggtgag gggatcctgg    180
tgaggtttgt' gattactgga caatagaaat atttacacaa tatggctggc ggctctgctg    240
atgcagtgac caaggagatg gaggcgctac tcgttggaca aaatccaaat gcggttagtg    300
gagaaacatg cgagacctca tcaaaagaag gcaaagtgc agatagcaat ggatctcatt    360
cttcaccacc agaagatgat gatgatgaag cgcaagggga tggccatct caagattgga    420
ggatccagaa gctttc                                     436

```

10

<210> 32

<211> 860

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> misc_feature

<223> TC90434 (PRO0111)

<220>

<221> misc_feature

20 <222> (1)..(1)

<223> n = cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

ES 2 378 157 T3

<222> (10)..(10)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 32

```
nagggctaan attaccggag tatttttga aagggagtaa tcaaagtcc aatacgaat 60
cgcggtcgta gtagtacaat acaaagacga gttcacggag cgcgtaaact aataaggaaa 120
aattaaacgt cgcgagagaaa taatagccga actggatgaa gatgagcagc actgcctctt 180
gcctagccta gcccatcatg gcgaggccga cgcccccgac cagcaggccc atcaccgaac 240
gggcctcgct gccgctggcc ccgcccgtgc tgcccgtcga ctctgctcgc gtcgctcgcg 300
gcgtcgtggt cgcgtcggc gtcgacgagg gcgtgtccat gccgggggcc gatgacggcg 360
tggcgggctg cgcggtggac ggcggggacg acgacgccgt cggggtgggg gtggtgcccg 420
ccgcccggga gaccgtgacg gcgagcttca tgcccggcga gcagtggccg ctggtgcccg 480
agatgaagta gcgggtgccc ggcttgggga gcgcgatctt ggtgttctgg tcgctgtagg 540
actggatcga gttgctggcg gacacgcgct gtagtcagcc gagctcacct ccgccaccgt 600
gtgcatcatg ctgtactgga acacgagcga gtcaccaacg ctgaaggttt tgctcttcgc 660
ccaggatcgc tagtccacgc cactgctcca gccggatgtg tcgccgacgg tgtagtccac 720
ggcgaagcgc ggcgcaacgg cggcgaggag tagcaccacc agacctgcag ctgcaagtcc 780
atgtactcca gccatgatgg cagagttaat tagcaaacgc gaactgatta gagccgtact 840
agtactggtg gccctcgtgc
```

5 <210> 33

<211> 1167

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

10 <221> misc_feature

<223> TC83072 (PRO0116)

<400> 33

```
aggaaaaaaa gaaaaaagat cctgtgaacc ctacgaaact accgaagcga acggaaggca 60
ggaatcggcg cgggcggcgg cggcggcggg ggggagaagc catggagcgg ctgcagcggg 120
tcttcggcgc ctccggcatg gggcagccgc cgtcggactc gccgctgctc gactcctccg 180
agcaggtcta catctcctcc ctgcgccctc tcaagatgct caagcacggg agggccggcg 240
tgccgatgga ggtgatgggg ctgatgctgg gggagtctgt cgacgactac acggtcaggg 300
tggtcgacgt ctctgccatg ccgcagagcg ggaccggggt cagcgtcgag gccgtcgacc 360
atgtcttcca gaccaacatg ctcgacatgc tcaagcagac cgggaggcca gaaatggtgg 420
taggttggtg ccattcccat cctggatttg gttgctggct ttcaggagtt gacatcaata 480
ctcaacagag ttttgaagct ttaaacccca gggcagttgc cgctcgtgata gatcccatcc 540
aaagtgtcaa ggggaaagtt gtcattgatg catttcgcct tattaaccct cagaccatga 600
tgcttggtca ggagccacga cagacaacat caaatgttgg gcacctaaat aagccatcta 660
ttcaggctct tattcatggg ctgaacaggg actactattc aattgcaatc aattaccgga 720
aaaatgagct tgaggaaaag atgttactga acttgacaaa aaagaaatgg accgatggat 780
tgattctgaa gaggtttgac actcattcaa agaccaatga gcagactggt caggaaatgc 840
tgaaccttgc tatcaagtac aacaaggcgg tgcaagagga ggatgagctg ccgectgaga 900
aattagcgat agcaaatgtg ggacggcaag atgctaagaa gcacttggaa gagcatgtct 960
ccaatttgat gtcatcaaac atagttcaga cgctaggaac catgctcgat acagttgtat 1020
tttagatcac tactgctggt atcccaacac tgtaccaga gctcgtttat tttttatatt 1080
tttatgttta tcgaagccta ccataattca gtgaacttaa cgccagttac atttgggtta 1140
tgaaagctta ccacttgaca acttcat
```

<210> 34

15 <211> 871

<212> ADN

<213> Oryza sativa

ES 2 378 157 T3

<220>

<221> misc_feature

<223> TC90038 (PRO0117)

<400> 34

```
cctagctcct cccgcgcgcg ccgcgcgcgc cgcgcgcgc tctccactcg agagaccag 60
ccgcgcgcgc cgcgcgcgcg gccatgtcgc tgcgcgcgc ggaggacttc cagcacatcc 120
tgcgctctgct gaacaccaac gtcgatggga agcagaagat catgttcgcg ctcacctcca 180
tcaagggtgt cggccgcagg ttctccaaca tcgctgcaa gaaggccgac atcgacatga 240
acaagagggc cggtgagctt acgccggagg agctggagcg gctgatgacc gtgggtggca 300
acccgcggca gttcaagggt cccgactggt tcctcaacag gaagaaggac tacaaggacg 360
ggaggttctc ccaggttgtc tccaacgcgc tcgacatgaa gctcagggat gatcttgaga 420
ggctcaagaa gatcaggaac caccgtggtc tgaggcacta ctggggcctc cgtgtgctg 480
ggcagcacac caagacaacc ggaaggagg gtaagactgt cgggtgtgctc aagaagcgt 540
aagcctaaga accaccggag acttgatgaa gcgtttcgtt ggggtgatgtt ttgccctagg 600
ataatatttt gcagctatgg aaccttgtcg taatgtatct tgaagagtgt ctttgggaac 660
taagagtaat ttacttttct tgaactatt gcagtattga ctccctgttt attgcttttc 720
tccactttct tctaccct taaaactatt gcagtatcga ctccctgttt attgctattc 780
tccactggct tctgccttaa ttttgatgt tgcatgcgct gtgtatctgg ttcattgtgat 840
gtacccatgg cagctttgat gcattgggat t 871
```

5

<210> 35

<211> 1245

<212> ADN

<213> Oryza sativa

10 <220>

<221> misc_feature

<223> TC82936 (PRO0122)

<400> 35

```
acgcggccaa aacgtaccct tgtgactaca cccgcttcgc ttctccctct ctetaagccg 60
gggaagctaa gccatggcgt ccgtcaccgc ccgcaccccg gtcgcagccc tccgctcgtc 120
ggcgtcgctc aagtctacct tcctagggca atcctccacc cgcctcgccc gcgcaccgac 180
tacgaggcgt aatgttcggg cggaggccaa gggagagtgg ctccccggcc tcccttctcc 240
cacctacctc aacggcagct tgccaggcga taacgggttc gaccctgttg gtctggcgga 300
ggaccocggag aacctgcggt ggttcgtgca gccggagtgg tgaacgggcg gtgggcgatg 360
ctgggggtgg ccgggatgct gctgcctgag gtgctgacga agatcggggt gatcgacgcg 420
ccgcagtggt acgacgcggg caaggccacc tacttcgctg cgtcgtcgac gctgttcgct 480
atcgagtcca tcctgttcca ctacgtggag atccggcggg ggcaggacat caagaaccct 540
ggctgcgtca accaggacc cactctcaag agctacagcc tcccgcgcca cgagtgcggc 600
taccocggca gcgtcttcaa cccctcaac ttcgagccca ccctcgaggc caaggagaag 660
gagctcgcca acgggaggct ggcgatgctg gcgttcttgg ggttcctggt gcagcacaac 720
gtgacgcaga aggggccctt cgacaacctg ctgcagcacc tgtctgacct gtggcacaac 780
accatcatcc agacgctgctc aggctgagcg tgtgatcgat ttcattcagg ccagggcattc 840
tcaaggagct tgatgagttc aggctggtga aaccgatgat tgggcgatgg aagatgttct 900
cttctgtttt cttctttttt tttttgtgga gtatgcatgt ataagatgtt aatgaattgg 960
ggggaggaga gagagagaga tggatgtgat gagattcaga ctactgtgt gtgtgtggt 1020
aattgtttcc tgcatgcatg gatctggatg catgggtgag ggggtgagtt gagtggtgaa 1080
tttctgatgt acagtactac agggggataa actatctcat ggtagcagca gtgttctagc 1140
tatctcatgg tctcgatctt aattatggtg gataaactac gcttaattgc ttgtcaagtg 1200
cttcatttgc gcattgattc agtattgctg atcgattcaa agacc 1245
```

15 <210> 36

<211> 1416

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

5 <223> TC89839 (PRO0123)

<400> 36

```

cccacgcgct cgcccacgcg tccgggacac cagaaacata gtacacttga gctcactcca    60
aactcaaaaca ctcacaccaa tggctctcca agttcaggcc gactcctgc cctctgctct    120
ctctgtcccc aagaagggtg acttgagcgc ggtggtgaag gagccggggt tccttagcgt    180
gagcagaagg ccaagaagcc gtcgctggtg gtgagggcgg tggcgacgcg gcgggcccgt    240
ggcgagcccc ggcgcgggca cgtcgaaggc ggacgggaag aagacgctgc gcaggggggt    300
ggtggtgatc accggcgcgt cgtcggggct cgggctcgcg gcggcgaagg cgcttggcgg    360
agacggggaa gtggcacgtg gtgatggcgt tccgcgactt tcctgaaggc gcgcagggcg    420
gcgaaggcgg cggggatggc ggcggggagc tacaccgtca tgcacctgga cctcgcctcc    480
ctcgacagcg tccgccagtt cgtggacaac ttccggcgtc ccggcatgcc gctcgacgcg    540
ctggtgtgca acgcccaca tctaccggcc gacggcgcgg caaccgacgt tcaacgccga    600
cgggtacgag atgagcgtcg ggtgaaacca cctgggccac ttctcctcg cccgcctcat    660
gctcgacgac ctcaagaaat ccgactaccg gtcgcggcgg ctcatcatcc tcggtccat    720
caccggcaac accaacacct tcgccggcaa cgtccctccc aaggccgggc taggcgacct    780
ccgggggctc gccggcgggc tccgcgggca gaacgggtcg gcgatgatcg acggcgcgga    840
gagcttcgac ggcgccaagg cgtacaagga cagcaagatc tgtaacatgc tgacgatgca    900
ggagttccac cggagattcc acgaggagac cgggatcacg ttcgcgctgc tgtaccggg    960
gtgcatcgcg acgacgggct tgttccgcga gcacatccc ctgttccggc tgctgttccc   1020
gccgttccag cggttcgtga cgaaggggtt cgtgtcggag gcggagtccg ggaagcggct   1080
ggcgcaagggt gtggcgacc cgaacctgac caagtccggc gtgtactgga gctggaacaa   1140
ggactcggcg tcgttcgaga accagctctc gcaggaggcc agcgaccggg agaaggccag   1200
gaagctctgg gacctcagcg agaagctcgt cggcctcgtc tgagtttatt atttaccat   1260
tcgtttaaac tgtaatttc ttcggggttt agggggtttc agctttcagt gagagaggcc   1320
tgtcaagtga tgtacaatta gtaattttt tttaccggac aaatcatgca ataaaaccac   1380
agccttatcat tatcgatttg tccacctaaa ttaagt                                1416

```

<210> 37

<211> 1149

10 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC85888 (PRO0133)

15 <400> 37

ES 2 378 157 T3

```

cttctacttc tatcatacca aacaaactag cttaatattgc attgcatcac attgcccggc 60
gccatgagag ctctcgctct cgcggtggtg gccatggcgg tggtaggccc ggcgggcgag 120
cagtgcggca gccaggccgg cggcgcgctc tgcccact gcctctgctg cagccagtac 180
ggctggtgcg gctccacctc cgattactgc ggcgcccggc gccagagcca gtgctccggc 240
ggctgcccgg cgggcccggc cccgcccctc agcggtagcg gcagcggcgt cgcctccatc 300
atatcgccct cgctcttcga ccagatgctg ctccaccgca acgaccaggc gtgcccggct 360
aagggtctct acacctacga cgccttcgtc gccgcccgca acgctacc ccgacttcgccc 420
accaccgcg acgcccacac ctgcaagcgc gaggctcggc ccttctctggc gcagacgtcc 480
cacgagacca ccggcggctg gcccacggcg cccgacggcc cctactcctg gggctactgc 540
ttcaaggagg agaacaacgg caacgcccc acatactgcg agcccaagcc ggagtggccg 600
tgcccggccg cgaagaagta ctacggccgg ggacccatcc agatcaccta caactacaac 660
tacggccgcg gggcaggcat cggctccgac ctgctcaaca acccggacct ggtggcgtcg 720
gacgccagtc tccttcaaga cggcgttctg gttctggatg acgcccagc ccccgaagcc 780
gtcgtgccac ggggtgatca ccggccagtg gacgcccctc gccgacgacc aggcggcggg 840
gcgcgttccg ggttacggcg agatcaccaa catcatcaac ggcggtgtgg agtgccggca 900
cggcgcggac gacaagtggt ccgaccggat cgggttctac aagcgtact gcgacatgct 960
ggcgtcagc tatggcgata acctggattg ctacaaccag aggcctacc cgccttcta 1020
gttgatatt gatccgagca gacgaataaa atacaatgca cacgagattg tgagactcga 1080
gaaaacatat actacctctg aattttaata catatctcta aaacaaaaaa aaaaaaaaaa 1140
aaaatatac 1149

```

<210> 38

<211> 981

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<220>

<221> misc_feature

<223> TC84300 (PRO0151)

<400> 38

```

aagaggcaag agcatccgta ttaaccagcc ttttgagact tgagagtgtg tgtgactcga 60
tccagcgtag tttcagttcg tgtggtggtg agtgattcca gccaaagttg cgatggcttc 120
tcagcaggaa cgggctagct accacgcccg cgagaccaag gcccgcccgg aggagaagac 180
ggggcgcgat atgggacagc cgcaggagaa ggcgcccggg gccaaaggaca cggcgtccga 240
cgcgcggggg cgcgcgatgg gcaggggaca cggcgcgcaag gaggcgacca aggagaaggc 300
gtacgagacc aaggacgcca ccaaggagaa ggcgtacgag gcaaaggacg cggcctccga 360
cgccaccggc cgcgcatggt acaaggcccg cggcgcggcg ggcgcccaga gggacaaggc 420
gtacgatgcc aaggacaggg cggctgacac ggcgcagtcc gccgcccgacc gcgcccgcca 480
cggcgcggcg cagaccggga gctacattgg acagaccgcc gagcccgcca agcagaaagc 540
ggccggcgcc gcgcagtagc ccaaggagac cgcgatcgcc ggcaaggaca agaccggcgc 600
cgtgctccag caggcagggg agcaggtgaa gagcgtggcg gtggggggcga aggacgcggt 660
gatgtacacg ctccgggatgt cagggcataa caagaacaac gccgctgccg gcaaggacac 720
cagcacctac aagcctggaa ctgggagtga ctaccagtaa tacgtagaa gaagcatgtg 780
tcgtctttgg cactgatgcc aaagtgtacg tgttgtatcc tcttttttaa gtttcagctc 840
gacttcgacg tgttcgggtg cacactttgg tttttcagtt gtgctcaact gttcatgttt 900
ctggttccat ggagggccag tgtggaggtc aatgtttaag ctttcgtttt aaaatctgat 960
aataaagttg gtttaagacct g 981

```

10

<210> 39

<211> 1203

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

15 <220>

<221> misc_feature

ES 2 378 157 T3

<223> TC89687 (PRO0169)

<400> 39

```
tactcctctc tctcacctcc accatctagc tcactcacac agtctccact cacacgcatt    60
gcagaggaga ggcgacaatg gaggggaagg aggaggacgt gcggctgggg gcgaacaggt    120
actcggagag gcagccgata gggacggcgg cgcagggcgc gggggacgac aaggactaca    180
aggagccgcc gccgggccgc tggtcgagcc aggggagctc aagtcgtggt ctttctaccg    240
ggccgggatc gccgagttcg tcgccacctt cctcttctc tacatcacca tctcaccgt    300
catggggggtc tccaagtccct cctccaagtg cgccaccgtc ggcatccagg gcatcgctg    360
gtccttcgga ggcatgatct tcgcgctcgt ctactgcacc gccggcatct cgggaggaca    420
catcaaccca gcagtacttt ttgggctggt cttggccagg aagctgtccc tgaccggggc    480
catcttctac atagtgatgc aatgcctagg ggccatctgc ggagctggag ttgtgaaggg    540
cttccagcag ggtctgtaca tgggcaatgg cggtggtgcc aatgtagtgg ccagtggcta    600
caccaagggt gacggtcttg gtgctgagat tgttggcacc ttcctcctgg tctacaccgt    660
cttctcagcc actgatgcca agaggaatgc cagggactca catgttcta tccttgccc    720
actgccaatt ggttttgccg ttgtcctggt ccacctggcc accatcccc taccgggtac    780
tggcatcaac ccagccagga gccttggcgc tgccatcatc tacaacaagg accatgcctg    840
gaatgacctt tggatcttct ggggtggtcc ctctcgtggc gctgcccctg ctgccatcta    900
ccaccaggtg atcatcaggg cgatcccatt caagagcagg tcttaagccc cgcgccgccg    960
ctgcgcagcc gacgacatgc aacgcaatcg tgatgtcctg tttcccgcgc gctactgctg   1020
cgcatctgtc gattccctct atctctagtc cccaagatgt ttttctatc tgaaccctga   1080
acaactcaat cgtgtaatcc agtactcagt cactgtatgt ttttatgtga tggagatctt   1140
aattcttaag ttatcatctc tgttgcctga aatccggttt cctctcgtg catgaaccgc   1200
gcc                                               1203
```

<210> 40

5 <211> 964

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

10 <223> TC89846 (PRO0170)

<400> 40

```
cccacggttc cgcccacggg cgcgccacgg tccgcttctc ttctctgggt gtgtgggtgt    60
gtccctgtct cccctctcct tcctcctctc ctttcccctc ctctcttccc ccctctcaca   120
agagagagag cgccagactc tccccagggt aggattcagc catgaagggg gccaaatcca   180
aggcgcccg ccaagcccgc gccaagtgg ctgtgaagag taagggcgcg gagaagcccg   240
ccgccaaggg caggaagggg aaggccggca aggaccccaa caagcccaag agggctccct   300
ccgctttctt cgtttttatg gaggagttcc gtaaggagt caaggagaag aaccccaaga   360
ataaatctgt cgctgctgta ggaaaagcag ccggtgatag gtgaaatcc ctgaccgaag   420
cggacaaggc tccctatgta gccaaaggcca acaagctcaa ggccgagtac aacaaggcca   480
ttgctgccta caacaagggc gagagcactg ccaagaaggc acccgccaag gaggaagagg   540
aggacgacga ggaggaatct gacaagtcca agtccgaggt caatgatgag gatgacgacg   600
aggcgacgca agaggatgaa gacgatgacg agtgagcctt ccagtggaca agatgggagc   660
agcaagacgc taagggcgcc gggcgtccta aggagcctat ccatcatcat catcgtctac   720
tagaattatt cagtttact tcacatcgtg atgttttact tttctctcgc tcctataacg   780
gatagcgctc cttgttggcg ccactggtgg gtgttgggt gcagccaatg tcttgtctcc   840
accgtcaatg atccgcttgt acctagatta ctctttccat tgtcatcgcc taacattgtg   900
ataatatcag tttgcgtatg tttagattaa ttgtttctaa ttccgctcgt tctctcttcc   960
ttgc                                               964
```

<210> 41

<211> 1542

15 <212> ADN

<213> Oryza sativa

ES 2 378 157 T3

<220>

<221> misc_feature

<223> TC82935 (PRO0171)

<400> 41

```

cacacctcac acctcaccac catcacctcc tcctcctcct cctcttcctc cgcgcgcgcg      60
agatccaggg agagggagag ggagagatca tggcggggac ggtgacggtg ccgtcggcgt      120
cggtgccgct gacgccgctg ctcaaggacg agctggacat cgtgatcccg acgatccgca      180
acctggactt cctggagatg tggcggccct tcttcagacc ctaccacctc atcatcgtgc      240
aggacggcga cccgaccaag accatccgcg tccccgaggg cttcgactac gagctctaca      300
accgcaacga catcaaccgg atcctcggcc ccaaggcctc ctgcatctcc tcaaggact      360
ccgcatgccc ctgcttcggc tacatggtct ccaagaagaa gtacgtcttc accatcgacg      420
acgactgctt cgttgccaag gacccatctg gcaaggacat caatgctctt gagcagcaca      480
tcaagaacct cctcagcccg tccaccccgt tcttcttcaa caccttgatg gatccctacc      540
gcgaaggcgc tgactttgtc cgtggttacc ccttcagcct cagggagggg gccaaactg      600
ctgtctctca cggcctgtgg cttaacatcc ctgactatga tgctcctact cagatggtca      660
agcctcgtga gaggaactcc aggtatgttg atgctgtcat gactgtgccc aagggaacct      720
tgttccccat gtgtggcatg aaccttgctt ttgaccgtga tctcatcggg cctgcaatgt      780
actttggctc catgggtgat ggccagccta ttggtcgcta cgacgacatg tgggctggat      840
ggtgcatgaa ggtcatctgt gaccacctga gcctgggagt gaagactgga ctgccgtaca      900
tctggcacag caaggctagc aaccccttcg tgaacttgaa gaaggaatac aagggcactc      960
tctggcagga ggacatcatc cccttcttcc agaacgccac catccccaa gagtgcgaca     1020
ccgtccagaa gtgctacctc tccctcggcg agcaggtcag ggagaagctc ggcaagatcg     1080
acccctactt cgtcaagctt gccgatgcca tggtcacctg gatcgaggcc tgggatgagc     1140
tgaacccctc gactgctgct gtcgagaacg gcaaggccaa gtagattgat cctgggagct     1200
tgtgtgtcgc aggatgaaa gtacccttta agtgaaagtg ttgctgtggc ctaggcccc     1260
tagatatagc tctttttgag atgaaggag agattactta agcaacttta taattctttg     1320
ttgttatgct ggttcttttg tagctggaaa aggatttgtt atcatcgttt acataattca     1380
agacaataat aattttatca tgtaattttg atagtcgtgc tttggttgct aaatggtgtt     1440
attgtattta ataacccttg caaatcacta tacctgttgg ttgttctgag aattgtatgc     1500
actaccatat tatatttcta aatcatttcg taggcattat gg                               1542

```

5

<210> 42

<211> 1432

<212> ADN

<213> Oryza sativa

10 <220>

<221> misc_feature

<223> TC82977 (PRO0173)

<220>

<221> misc_feature

15 <222> (1429)..(1429)

<223> n = cualquier nucleótido

<400> 42

ES 2 378 157 T3

aaaagagcag cgtcgcctct cctcctccct aaccoctacg cttccagaac cttctcgaag 60
ctcccgtccc cccccccctt ccgctccaat ggcaaggaa ccgatgcgag tgctcgtcac 120
cggcgccgca ggacaaattg gatatgctct tgtccccatg attgctaggg gtgtgatgtt 180
gggtgctgac cagcctgtta ttctacacat gcttgacatt ccaccagcta ctgaatctct 240
taatggcctt aagatggagc tggttgatgc tgcatttcct cttttgaagg gaattgtcgc 300
aacaactgat gttgtggagg cctgcactgg tgtgaatgtt gcggttatgg ttggtgggtt 360
ccccaggaag gagggaatgg aaaggaagga tgttatgtca aaaaatgtct ccatctacaa 420

atcccaagct tctgctcttg aggctcatgc agcccctaac tgcaaggttc tggtagtgtc 480
caatccagca aacaccaacg ctctcatctt aaaagaattc gctccatcca tccctgagaa 540
gaacattact tgcctcaccg gtcttgacca caacagggca cttggccaga tctctgaaa 600
acttaatgtc caagtactg atgtgaagaa tgcgatcatc tggggcaacc actcatccac 660
ccagtaccct gatgttaacc acgccactgt gaagactccc agtggagaga agcctgtcag 720
ggaactcgtt gctgatgatg agtgggtaaa tacggaattc atctctaccg tccagcagcg 780
tggtgcccgc atcatcaagg cgaggaagca atccagtgcc ctatctgctg ccagctctgc 840
atgcgatcac attcgtgact gggttcttgg cactcctgag ggaacatttg tctccatggg 900
tgtgtactct gatggttctg atgggtgtcc tgcgtgctg atctactcgt tcccagtaac 960
atgcagtggg ggcgaatgga cgattgttca gggctctccc atcgacgagt tctcaaggaa 1020
gaagatggac ggcactgccc aggagctgtc ggaggagaag acgctcgctt actcatgcct 1080
cactaaaaac taagcaatac ccagagggac agatagttag cgattgcccg ctcccgtgtt 1140
tttgaataaa agagactttt aagttccatc acatagaaac tgtttatctc agaccgctgc 1200
acatcgcgag atgtggagcg cagatgccgt tgcgtggttt actccagtgt gtattgaggc 1260
tttgtactag ctcccctttt tttgcctggg gattcgcagg acatttgctg aaaacattga 1320
accatttga catctgatgg aatcatggac cagtagcaag tacatttttg cgaaagcata 1380
atctgcatcg ggcttgggct ggtggtttaa ctttctgcca catggccent gg 1432

<210> 43

<211> 659

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<220>

<221> misc_feature

<223> TC83646 (PRO0175)

<400> 43

gctaagtgag ctagccactg atcagaagaa cacctcagtc tctgagagtg tttttcagc 60
tttagcttaa gcaggatgga gcaccagggg cagcacggcc acgtgaccag ccgcgtcgac 120
gagtagcgca acccggctcg caccggcgcc ggacacggcc agatgggac cgccggcatg 180
gggacgcacg gcaccgcccg caccggcgcc ggccagttcc agccgatgag ggaggagcac 240
aagaccggcg gcgtcttgca acgctccggc agctccagct caagctcgtc tgaggatgat 300
ggaatgggag ggaggaggaa gaaggggatc aaggagaaga tcaaggagaa gctccccggc 360
ggcaacaagg gcgagcagca gcatgccatg ggccgaccg gcaccggcac cggcaccggc 420
accggaaccg gcggcgccca cgggcagcag ggccacggca ccgggatgac caccggcacc 480
accggcgcac acggcaccac caccaccgac accggcgaga agaagggcat catggacaag 540
atcaaggaga agctgcccgg ccagcactga gctcgacaca ccaccacacc atgtgtctgc 600
gccccggcg accgcccga cgtcaccttc ctgaataata agatgagcta accgagcgc 659

10

<210> 44

<211> 1310

<212> ADN

<213> Oryza sativa

15 <220>

<221> misc_feature

ES 2 378 157 T3

<223> TC90619 (PRO0177)

<400> 44

```

ggaccagcga gcaaccagcc ccccgccccc aatggcggca gagcagcttt gccaccgct 60
gccgcttttg cccacctctc ctccgattaa tcccctcccc tcctcttctt cccacttctc 120
cgctcctctt tcctcccctc gccgacccta cctactcgcg ccgcccgcgt cgattgggc 180
ggcaaacgga gggggggtta accctgatgg agcagtacga gaaggaggag aagattgggg 240
agggcacgta cgggggtggtg tacagggcgc gggacaaggt caccaacgag acgatcgcg 300
tcaagaagat ccggcttgag caggaggatg agggcgtccc ctccaccgca atccgcgaga 360
tctcgctcct caaggagatg catcacggca acatcgctcag gttacacgat gttatccaca 420
gtgagaagcg catatatctt gtctttgagt atctggatct ggacctaaag aagttcatgg 480
actcttgctc agagtttgcg aaaaacccca cttaattaa gtcatatctc tatcagatac 540

```

```

tccgcggcgt tgcttactgt cattctcata gagttcttca tcgagatttg aaacctcaga 600
atltattgat agatcggcgt actaatgcac tgaagcttgc agactttggt ttagccaggg 660
catttggaa tcttgccgc acgtttactc acgaggttgt aaccttgggg tatagagctc 720
cagagatcct tcttgatca aggcagtatt ctacaccagt tgatatgtgg tcagttggtt 780
gtatctttgc agaaatggtg aaccagaaac cactgttccc tgggtattct gagattgatg 840
aattatttaa gatattcagg gtactaggaa ctccaaatga acaaagttgg ccaggagtta 900
gctcattacc tgactacaag tctgctttcc ccaagtggca agcacaggat cttgcaacta 960
ttgtccctac tcttgacctt gctggtttgg accttctctc taaaatgctt cggtagcagc 1020
caaacaaaag gatcacagct agacaggctc ttgagcatga atacttcaag gaccttgaga 1080
tggtagaatg accctgctat ggctttacat tggattggca tatgtatggg ctgggctcct 1140
catttcattc cttctgtgaa cgctgtgccc ttcgtttggg catttttgtc attcagctgg 1200
atatttcaaa tcttgtgtgt ttgatatgta ttcaggaaac ctaaatagat caccgtcttg 1260
gtctctatct gttcagagta aatatcttcc aatgctgcct ttcagtttcc 1310

```

<210> 45

5 <211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm 3780

10 <400> 45

```

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt cgacgctact caagtgggag gaggc 55

```

<210> 46

<211> 55

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2768

<400> 46

```

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc ccgatttagt agaccacatt ttggc 55

```

20 <210> 47

<211> 54

<212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prm2420
 5 <400> 47
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta tgccatcgag tgggtgcccg atac 54
 <210> 48
 <211> 54
 <212> ADN
 10 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prm2853
 <400> 48
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt ctctctgaa gctgaagccc tgcg 54
 15 <210> 49
 <211> 53
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 20 <223> prm2426
 <400> 49
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta aaaccaccga gggacctgat ctg 53
 <210> 50
 <211> 55
 25 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prm2855
 <400> 50
 30 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc cttagctatat gcagaggttg acagg 55
 <210> 51

	<211> 53	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
5	<223> prm3025	
	<400> 51	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta tggtgccatg tcaataagac atc	53
	<210> 52	
	<211> 56	
10	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3029	
	<400> 52	
15	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg ttttctatg aaccggcat taaacc	56
	<210> 53	
	<211> 55	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> prm3061	
	<400> 53	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc ctgatggatg atgaatcact gatcg	55
	<210> 54	
25	<211> 57	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> prm3031	
30	<400> 54	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt cgtaagttt gatgatttct gatgacc	57

<210> 55

<211> 53

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> prm3051

<400> 55

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg ccgccgctcg ctcgcttcgt tcg 53

<210> 56

10 <211> 58

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3592

15 <400> 56

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc gtgttcatgt tcgcatttag gattggac 58

<210> 57

<211> 55

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm5131

<400> 57

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc agatgccaca gtaggtgta ccacc 55

25 <210> 58

<211> 56

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

30 <223> prm3782

<400> 58

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt tgcagttgtg accaagtaag ctgagc 56
<210> 59
<211> 54
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm2844
<400> 59
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt ttggcgcggg gcagaagagt ggac 54
10 <210> 60
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
15 <223> prm2973
<400> 60
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg ctgagtcacat agggagaaaa caaatcg 57
<210> 61
<211> 53
20 <212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm3770
<400> 61
25 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc gtcctcctt tgtaacggct cgc 53
<210> 62
<211> 56
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
30 <220>
<223> prm3772

<400> 62
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc atgcggttaa tgtagatgct cactgc 56
 <210> 63
 <211> 53
 5 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prn3774
 <400> 63
 10 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt agtaccattc ttcctctgtg agc 53
 <210> 64
 <211> 53
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 15 <220>
 <223> pm3776
 <400> 64
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg ttgggtggt gaccgcaatt tgc 53
 <210> 65
 20 <211> 55
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> prn3800
 25 <400> 65
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg tcaccaccgt catgtacgag gctgc 55
 <210> 66
 <211> 55
 <212> ADN
 30 <213> Secuencia artificial
 <220>

ES 2 378 157 T3

<223> prm5135
<400> 66
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc agacacctag aatatagaca ttccc 55
<210> 67
5 <211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm3781
10 <400> 67
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atcacaagcg cagctaataca ctagc 55
<210> 68
<211> 57
<212> ADN
15 <213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm2769
<400> 68
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gtgtagaaaa tcttaaccgc aaaatcg 57
20 <210> 69
<211> 55
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
25 <223> prm2421
<400> 69
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gtgaggtgcc ggggaagcga cgttg 55
<210> 70
<211> 54
30 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2854

<400> 70

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt tctctttcc ctggaacta accg 54

5 <210> 71

<211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> prm2427

<400> 71

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt gtcgcttta ttggcttg tggtg 54

<210> 72

<211> 56

15 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm2856

<400> 72

20 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc tctagctcga tctctctgc aaaagc 56

<210> 73

<211> 49

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

25 <220>

<223> prm3026

<400> 73

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gcatgagat ctctctccg 49

<210> 74

30 <211> 59

<212> ADN

ES 2 378 157 T3

<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm3030
<400> 74
5 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt ttgtaggat tctactacta tgctcaac 59
<210> 75
<211> 62
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
10 <220>
<223> prm3062
<400> 75
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta ttgtgtaa atttctattg tccagtaac 60
ac 62
<210> 76
15 <211> 54
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm3032
20 <400> 76
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atggcagagt taattagcaa acgc 54
<210> 77
<211> 50
<212> ADN
25 <213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm3052
<400> 77
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc taaggcagc agccattgg 50
30 <210> 78

ES 2 378 157 T3

<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
5 <223> prm3049
<400> 78
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gcggcggcgg cggcggcggc ggctgggtct 60
<210> 79
<211> 54
10 <212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm2195
<400> 79
15 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc ggcttagaga ggggaggaag cgaa 54
<210> 80
<211> 58
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
20 <220>
<223> prm2197
<400> 80
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt ggtgtgagtg ttgagttg gagtgagc 58
<210> 81
25 <211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm2845
30 <400> 81
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc ggcaatgta tgcaatgcaa attaagc 57

<210> 82

<211> 55

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> prm2974

<400> 82

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcaaactgg ctggaatcac tcacc 55

<210> 83

10 <211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3771

15 <400> 83

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt gtcgcctctc ctctgcaatg cgtg 54

<210> 84

<211> 52

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> prm3773

<400> 84

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gctgaaatcct gcgagaaggg cg 52

25 <210> 85

<211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

30 <223> prm3775

<400> 85

ES 2 378 157 T3

54
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atctctcct ctcctctcc ctgg
<210> 86
<211> 52
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm3777
<400> 86
52
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt ggagcggaag ggggggggga gc
10 <210> 87
<211> 57
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
15 <223> prm3801
<400> 87
57
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actctcagag atcgagggt tcttctg
<210> 88
<211> 52
20 <212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> prm5136
<400> 88
52
25 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcccgagct cgccccgct cg

REIVINDICACIONES

1. Un promotor aislado capaz de dirigir y/o regular la expresión en tejido joven de una planta, que comprende:
- (a) un ácido nucleico aislado como se da en la SEQ ID NO: 5 o el complemento del mismo; o
- 5 (b) un ácido nucleico aislado como se define en (a), que se interrumpe por una secuencia de intervención; o
- (c) un fragmento del ácido nucleico como se define en (a) o (b), cuyo fragmento es capaz de dirigir y/o regular la expresión específica del tejido joven o
- (d) un ácido nucleico aislado que tiene por lo menos 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de ADN como se da en la SEQ ID NO: 5.
- 10 2. Un promotor de acuerdo con la reivindicación 1, que es un promotor híbrido que comprende por lo menos una parte de un promotor como se define en la reivindicación 1 y que comprende adicionalmente otra parte de un promotor.
3. Una construcción genética que comprende:
- (a) Un promotor aislado como se define en la reivindicación 1 o 2; y
- 15 (b) una secuencia de ácido nucleico heteróloga ligada en forma operativa a dicho promotor de (a); y opcionalmente
- (c) un terminador de transcripción 3'.
4. Un casete de expresión que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 3.
5. Un vector de transformación que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 3.
6. Un vector de expresión que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 3.
- 20 7. Una célula anfitriona que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 3, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 4, o un vector de transformación como se define en la reivindicación 5, o un vector de expresión como se define en la reivindicación 6.
8. Una célula de planta transgénica que comprende una construcción genética como se define en la reivindicación 3, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 4 o un vector de transformación como se define en la reivindicación 5 o un vector de expresión como se define en la reivindicación 6.
- 25 9. La célula de planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 8, que es una célula de planta monocotiledónea.
10. La célula de planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 9, que es una célula de planta dicotiledónea.
- 30 11. Una planta transgénica que comprende una célula de planta transgénica como se define en la reivindicación 9 o 10.
12. Una planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 11, en donde dicha planta se selecciona de arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, avena, centeno, sorgo, soja, girasol, canola, caña de azúcar, alfalfa, fríjol, guisantes, lino, lupino, colza, tabaco, tomate, papa, calabaza, papaya, álamo y algodón.
- 35 13. Parte de planta, preferiblemente una parte cosechable, un propágulo o progenie de una planta como se define en la reivindicación 11 o 12 y que comprende un promotor aislado como se define en la reivindicación 1 o 2.
14. Método para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico en una planta o célula de planta, que comprende:

(a) Ligar en forma operativa dicho ácido nucleico a uno cualquiera de los ácidos nucleicos aislados como se define en la reivindicación 1, y

(b) introducir la construcción genética resultante dentro de una planta o célula de planta.

15. Método de acuerdo con la reivindicación 14, en donde dicha expresión es específica de tejido.

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

(a) introducir dentro de una célula de planta un promotor aislado como se define en la reivindicación 1 o 2, o una construcción genética como se define en la reivindicación 3, o un casete de expresión como se define en la reivindicación 4, o un vector de transformación como se define en la reivindicación 5 o un vector de expresión como se define en la reivindicación 6, y

10 (b) Cultivar dicha célula de planta bajo condiciones que promueven el crecimiento de la planta.

17. Uso de cualquiera de los ácidos nucleicos aislados como se define en la reivindicación 1 para dirigir y/o regular la expresión de un ácido nucleico ligado en forma operativa.

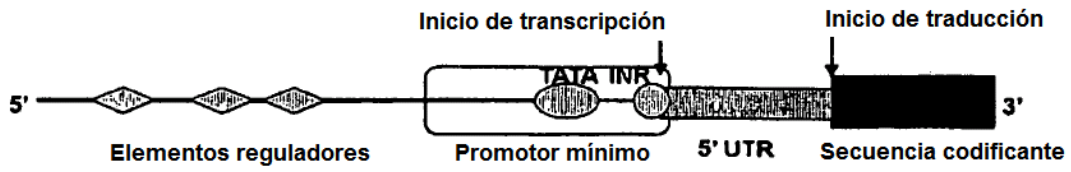


FIGURA 1

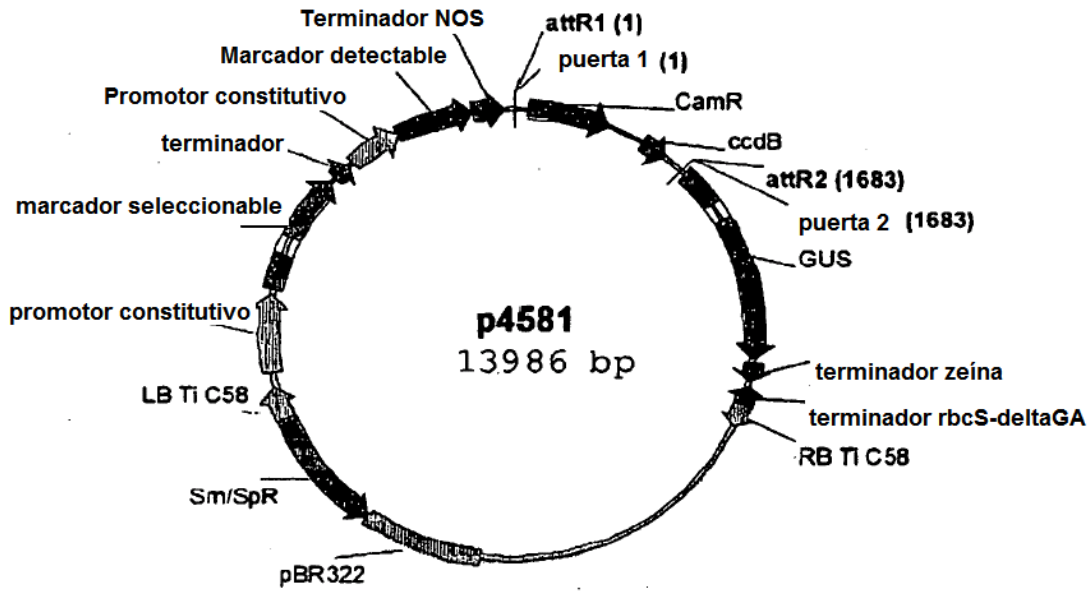


FIGURA 2

PRO061 beta-expansina EXPB9

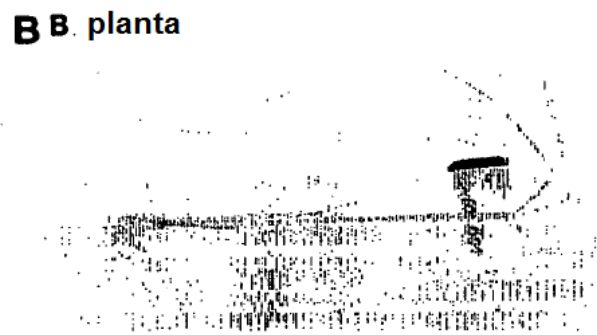
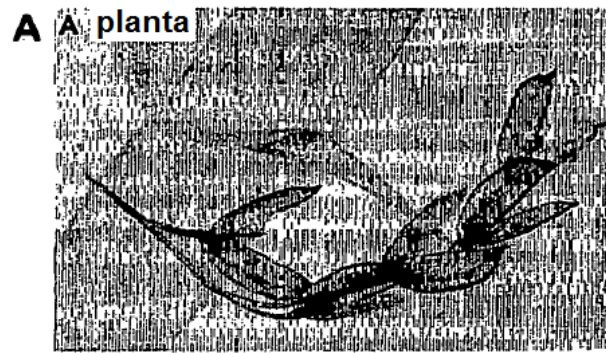


FIGURA 3