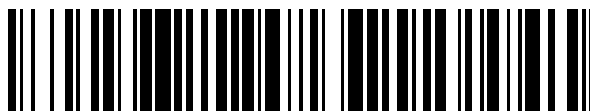


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 383 716**

51 Int. Cl.:
C12N 15/11 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)
A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Número de solicitud europea: **08708671 .6**
96 Fecha de presentación: **05.02.2008**
97 Número de publicación de la solicitud: **2111452**
97 Fecha de publicación de la solicitud: **28.10.2009**

54 Título: **Composiciones y métodos que utilizan ARN de interferencia de un gen del tipo OPR3 para el control de nemátodos**

30 Prioridad:
08.02.2007 US 900146 P

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
25.06.2012

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
25.06.2012

73 Titular/es:
BASF Plant Science GmbH
67056 Ludwigshafen, DE

72 Inventor/es:
WIIG, Aaron

74 Agente/Representante:
Carvajal y Urquijo, Isabel

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

ES 2 383 716 T3

DESCRIPCIÓN

Composiciones y métodos que utilizan ARN de interferencia de un gen del tipo OPR3 para el control de nematodos.

La invención se refiere al control de los nemátodos. Se divulgan aquí métodos para la producción de plantas transgénicas con mayor resistencia a los nemátodos, vectores de expresión que contienen polinucleótidos que confieren resistencia a los nemátodos, y plantas transgénicas y las semillas generadas de las mismas.

Los nemátodos son gusanos microscópicos que se alimentan de las raíces, las hojas y los tallos de más de 2.000 cultivos en hileras, vegetales, frutos y plantas ornamentales, causando un estimado de \$ 100 mil millones en pérdidas de cultivos en todo el mundo. Una variedad de especies de nemátodos parásitos infectan a las plantas de cultivo, incluyendo los nemátodos agalladores (RKN), nemátodos formadores de quistes y formadores de lesiones. Los nemátodos agalladores, que se caracterizan por causar la formación de agallas en la raíz en los sitios de alimentación, tienen una gama relativamente amplia de huéspedes y por tanto son patógenas en un gran número de especies de cultivo. Las especies de nemátodos formadores de lesiones y de quistes tienen una gama más limitada de huéspedes, pero aún así causan pérdidas considerables en los cultivos susceptibles.

Los nemátodos patógenos están presentes en todo Estados Unidos, presentándose las mayores concentraciones en las regiones húmedas y cálidas del Sur y el oeste y en suelos arenosos. Los nemátodos formadores de quistes de la soja (*Heterodera glycines*), la plaga más grave de las plantas de soja, fue descubierta por primera vez en los Estados Unidos en Carolina del Norte en 1954. Algunas áreas están tan fuertemente infestadas por el nemátodo formador de quistes de la soja (SCN) que la producción de soja ya no es económicamente posible sin la utilización de medidas de control. Aunque la soja es el cultivo más importante económicamente que es atacado por SCN, SCN parasita a unos cincuenta huéspedes en total, incluidos cultivos de campo, vegetales, plantas ornamentales y malezas.

Los signos de daño causado por nemátodos incluyen retraso del crecimiento y amarillamiento de las hojas y el marchitamiento de las plantas durante los períodos cálidos. Sin embargo, la infestación por nemátodos puede causar pérdidas significativas de rendimiento sin ningún tipo de síntomas de la enfermedad obvias por encima del suelo. Las principales causas de reducción del rendimiento se deben a daño de las raíces por debajo del suelo. Las raíces infectadas por el SCN se ven empujadas o atrofiadas. La infestación por nemátodos también puede disminuir el número de nódulos fijadores de nitrógeno en las raíces, y puede volver a las raíces más susceptibles a los ataques por parte de otros patógenos de las plantas transmitidos por el suelo.

El ciclo de vida de los nemátodos tiene tres grandes etapas: huevo, juvenil, y adulta. El ciclo de vida varía entre las especies de nemátodos. Por ejemplo, el ciclo de vida del SCN por lo general se puede completar en 24 a 30 días en condiciones óptimas mientras que otras especies pueden llegar a tardar hasta un año o más, para completar el ciclo de vida. Cuando los niveles de temperatura y humedad son favorables en la primavera, los gusanos eclosionan del huevo como jóvenes en el suelo. Sólo los nemátodos en la etapa de desarrollo juvenil son capaces de infectar las raíces de la soja.

El ciclo de vida del SCN ha sido objeto de muchos estudios, y como tales, son un ejemplo útil para comprender el ciclo de vida de los nemátodos. Después de penetrar las raíces de la soja, los SCN en etapa juvenil se mueven a través de la raíz hasta que se ponen en contacto con el tejido vascular, momento en el que dejan de migrar y comienzan a alimentarse. Con un estilete, el nemátodo inyecta secreciones que modifican ciertas células de la raíz y las transforman en sitios de alimentación especializados. Las células de la raíz se transforman morfológicamente en grandes sincitios multinucleados (o en células gigantes en el caso del RKN), que se utilizan como fuente de nutrientes para los nemátodos. Los nemátodos se alimentan activamente robando así nutrientes esenciales de la planta lo que resulta en la pérdida de rendimiento. A medida que se alimentan los nemátodos hembra, se hinchan y eventualmente se hacen tan grandes que sus cuerpos rompen el tejido de la raíz y quedan expuestos sobre la superficie de la raíz.

Después de un período de alimentación, los nemátodos SCN machos, que no están hinchados cuando son adultos, migrar fuera de la raíz hacia el suelo y fecundar a las hembras adultas agrandadas. Los machos mueren entonces, mientras que las hembras permanecen adheridas al sistema de raíces y continúan alimentándose. Los huevos en las hembras hinchadas comienzan a desarrollarse, en un principio en una masa o saco de huevos fuera del cuerpo, y luego dentro de la cavidad corporal del nemátodo. Eventualmente, toda la cavidad corporal de la hembra adulta está llena de huevos, y muere el nemátodo. Es el cuerpo lleno de huevo de la hembra muerta lo que se conoce como el quiste. Los quistes eventualmente desalojan y se encuentran libres en el suelo. Las paredes del quiste se hacen muy duros, proporcionando una excelente protección para los aproximadamente 200 a 400 huevos que contiene. Los huevos del SCN sobreviven dentro del quiste hasta que se presentan condiciones adecuadas para eclosionar. Aunque muchos de los huevos pueden eclosionar durante el primer año, muchos de ellos también sobreviven dentro de los quistes protectores durante varios años.

Un nemátodo puede moverse a través del suelo únicamente unas pocas pulgadas por año por sus propios medios. Sin embargo, la infestación por nemátodos se puede propagar a distancias significativas en una variedad de maneras. Cualquier cosa que pueda mover el suelo infestado es capaz de propagar la infestación, incluida la maquinaria agrícola, vehículos y herramientas, viento, agua, animales, y los trabajadores agrícolas. Partículas de suelo del tamaño de las semillas a menudo contaminan la semilla cosechada. En consecuencia, la infestación por nemátodos se puede propagar cuando la semilla contaminada de los campos infestados se siembra en campos no infestados. Incluso, existe evidencia de que ciertas especies de nemátodos pueden ser transmitidas por las aves. Sólo algunas de estas causas se pueden prevenir.

Las prácticas tradicionales de manejo de la infestación por nemátodos incluyen: el mantenimiento de los nutrientes adecuados del suelo y los niveles de pH del suelo infestado con nemátodos; el control de otras enfermedades de las plantas, así como de las plagas de insectos y de malezas; utilización de prácticas de saneamiento tales como el arado, la siembra y el cultivo de los campos infestados con nemátodos sólo después de trabajar los campos no infestados; limpieza a fondo de los equipos con agua a alta presión o vapor de agua después de trabajar en los campos infestados; no utilizar semillas cultivadas en tierras infestadas para la siembra de los campos no infestados a menos que la semilla haya sido adecuadamente limpiada; rotación de los campos infestados y alternando los cultivos hospederos con cultivos no hospederos; uso de nematocidas; y plantación de variedades de plantas resistentes.

Se han propuesto métodos para la transformación genética de las plantas a fin de conferirles mayor resistencia a los nemátodos que parasitan las plantas. Las patentes de los Estados Unidos Nos. 5.589.622 y 5.824.876 están dirigidas a la identificación de los genes de las plantas que se expresan específicamente en o en forma adyacente al sitio de alimentación de la planta después de la fijación por el nemátodo. Los promotores de estos genes objetivo de las plantas pueden entonces ser utilizados para dirigir la expresión específica de proteínas o enzimas perjudiciales, o la expresión de ARN antisentido al gen objetivo o a genes de la célula en general. Los promotores de la planta también pueden ser utilizados para conferir resistencia a los nemátodos específicamente en el sitio de alimentación mediante la transformación de la planta con un constructo que comprende al promotor del gen objetivo de la planta ligado a un gen cuyo producto induce letalidad en el nemátodo después de la ingestión.

Recientemente se ha propuesto al ARN de interferencia (ARNi), también denominado como el silenciador de genes, como un método para controlar los nemátodos. Cuando el ARN bicatenario (ARN bicatenario) correspondiente esencialmente a la secuencia de un gen objetivo o a un ARNm se introduce en una célula, se inhibe la expresión del gen objetivo (véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos No. 6.506.559). La Patente de los Estados Unidos No. 6.506.559 demuestra la eficacia del ARNi contra los genes conocidos en *Caenorhabditis elegans*, pero no demuestra la utilidad del ARNi para el control de nemátodos parásitos de las plantas.

Se ha propuesto el uso de ARNi para genes objetivo esenciales de nemátodos, por ejemplo, en los documentos WO 01/96584, WO 01/37654, la solicitud de patente de los Estados Unidos No. 2004/0098761, la solicitud de patente de los Estados Unidos No. 2005/0091713, la solicitud de patente de los Estados Unidos 2005/0188438, la solicitud de patente de los Estados Unidos 2006/0037101, la solicitud de patente de los Estados Unidos 2006/0080749, la solicitud de patente de los Estados Unidos 2007/0199100, y la solicitud de patente de los Estados Unidos 2007/0250947.

Se han propuesto una serie de modelos para la acción del ARNi. En los sistemas de mamíferos, los ARN bicatenario mayores a 30 nucleótidos activan la inducción de la síntesis de interferón y una inactivación global de la síntesis de proteínas, en una forma no específica de la secuencia. Sin embargo, la Patente de Estados Unidos No. 6.506.559 divulga que en los nemátodos, la longitud del ARN bicatenario correspondiente a la secuencia del gen objetivo puede ser al menos de 25, 50, 100, 200, 300, ó 400 bases, y que incluso los ARN bicatenario más grandes también fueron efectivos en la inducción de ARNi en *C. elegans*. Se sabe que cuando los constructos de ARN de horquilla que contienen regiones bicatenarias que van desde 98 hasta 854 nucleótidos fueron transformados en una cantidad de especies de plantas, se silenciaron en forma efectiva los genes de plantas objetivo. Existe consenso general de que en muchos organismos, incluidos nemátodos y plantas, se escinden grandes pedazos de ARN bicatenario en fragmentos de aproximadamente 19 - 24 nucleótidos (ARN corto de interferencia) dentro de las células, y que estos ARNci son los mediadores reales del fenómeno de ARNi.

La enzima OPR3 (12-oxifitodienoato reductasa) está involucrada en la biosíntesis del ácido jasmónico (JA). La enzima OPR3 convierte 12-oxo-cis-10,15-fitodienoato (OPDA) en 3-oxo-2-cis (cis-2-pentenil)-ciclopentano-1-octanoato, que se somete a 3 rondas de oxidación en beta para generar (+)-7-isojasmonato (JA). Las plantas mutantes opr3 de *Arabidopsis* son incapaces de acumular JA y son machos estériles (Stintzi y Navegación, 2000, PNAS. 97: 10625 - 10630). El tratamiento de plantas opr3 de *Arabidopsis* con OPDA exógeno favoreció la expresión de varios genes y divulgó dos vías distintas de señalización, una a través de COL1, y la otra a través de un efecto electrófilo de las ciclopentonas (Stintzi et al., 2001, PNAS 98: 12317 - 12319). OPDA de acuerdo con JA afina la expresión de genes de defensa. La resistencia a ciertos insectos y hongos puede ocurrir en ausencia de JA (Stintzi et al., 2001, PNAS 98: 12837 - 42).

Aunque han hecho numerosos esfuerzos para utilizar ARNi para controlar los nemátodos parásitos de las plantas, hasta la fecha no se ha desregulado en ningún país a las plantas transgénicas resistentes a los nemátodos. Por consiguiente, continúa existiendo la necesidad de identificar composiciones seguras y eficaces y métodos para el control de nemátodos que parasitan las plantas utilizando ARNi, y para la producción de plantas que tengan mayor resistencia a los nemátodos que parasitan las plantas.

Los presentes inventores han descubierto que la expresión del gen objetivo de la soja, tipo 12-oxifitodienato reductasa (tipo OPR3) también denominado como 45174942 (SEQ ID NO: 1), está favorecida en los sincitios inducidos por SCN en comparación con tejido no infectado de la raíz. Los presentes inventores han demostrado que la inhibición de los niveles de OPR3 utilizando ARNi afecta la capacidad de la planta para resistir la infestación por nemátodos.

La presente invención provee las realizaciones caracterizadas en cualquiera de las reivindicaciones 1 a 11.

La presente invención se puede entender más fácilmente haciendo referencia a la siguiente descripción detallada de las realizaciones preferidas de la invención y los ejemplos incluidos en este documento. A menos que se indique otra cosa, los términos utilizados aquí deben entenderse de acuerdo con el uso convencional por parte de aquellos ordinariamente capacitados en la técnica pertinente. Además de las definiciones de los términos que aparecen a continuación, se pueden encontrar también las definiciones de términos comunes en biología molecular en Rieger et al, 1991, Glossary of genetics: classical and molecular, 5ª Ed., Berlín: Springer-Verlag, y en Current Protocols in Molecular Biology, F. M. Ausubel et al., eds. Current Protocols, una empresa conjunta entre Greene Publishing Associates, Inc. y John Wiley & Sons, Inc., (1998, Suplemento). Debe entenderse que tal como se utiliza en la memoria descriptiva y en las reivindicaciones, "un" o "una" puede significar uno o más, dependiendo del contexto en el que se utiliza. Así, por ejemplo, la referencia a "una célula" puede significar que al menos una célula puede ser utilizada. Debe entenderse que la terminología usada aquí es para el propósito de describir las realizaciones específicas únicamente y no se pretende que sea limitativa.

A lo largo de esta solicitud, se referencian diferentes publicaciones de patentes y de la literatura. Las divulgaciones de todas estas publicaciones y las referencias citadas en esas publicaciones se incorporan aquí en su totalidad como referencia con el fin de describir más completamente el estado de la técnica a la que pertenece esta invención.

Un "gen tipo OPR3" de una planta se define aquí como un gen que tiene al menos una identidad de secuencia del 60% con el polinucleótido 45174942 que tiene una secuencia como la expuesta en la SEQ ID NO: 1, que es el gen tipo OPR de G. max. Los gens tipo OPR3 incluyen a los genes que tienen secuencias tales como las expuestas en las SEQ ID NOs: 2, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27 y 29, que son homólogas del gen tipo OPR3 para G. max de la SEQ ID NO: 1. Los genes tipo OPR3 definidos aquí codifican polipéptidos que tienen al menos una identidad de secuencia del 60% con el polipéptido tipo OPR3 de G. max que tiene una secuencia como la expuesta en la SEQ ID NO: 30. Tales polipéptidos incluyen polipéptidos tipo OPR3 que tienen secuencias como las expuestas en las SEQ ID NOs: 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26 y 28.

Genes adicionales tipo OPR3 (homólogos del gen tipo OPR3) pueden ser aislados de otras plantas diferentes a la soja usando la información proporcionada en este documento y las técnicas conocidas por los expertos en la técnica de la biotecnología. Por ejemplo, una molécula de ácido nucleico de una planta que hibrida bajo condiciones rigurosas con el ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 puede ser aislado a partir de bibliotecas de ADNc de tejidos vegetales. Alternativamente, el ARNm puede ser aislado de las células vegetales (por ejemplo, por medio del procedimiento de extracción de guanidinio-tiocianato de Chirgwin et al., 1979, Biochemistry 18: 5294 - 5299), y se puede preparar ADNc utilizando la transcriptasa inversa (por ejemplo, transcriptasa inversa MLV de Moloney, que puede ser adquirida a Gibco / BRL, Bethesda, MD, o transcriptasa inversa AMV, que puede ser adquirida a Seika-Gaku America, Inc., St. Petersburg, FL). Los iniciadores de oligonucleótidos sintéticos para amplificación por medio de reacción en cadena de la polimerasa pueden ser diseñados con base en la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO: 1. Iniciadores de oligonucleótidos adicionales pueden ser diseñados con base en las secuencias de los genes tipo OPR3 que tienen secuencias como las expuestas en las SEQ ID NOs: 2, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27 y 29. Moléculas de ácido nucleico correspondientes a los genes objetivo tipo OPR3 definidos en este documento pueden ser amplificadas utilizando ADNc o, alternativamente, ADNc genómico, como molde e iniciadores de oligonucleótidos apropiados de acuerdo con técnicas estándar de amplificación por medio de PCR. Las moléculas de ácido nucleico así amplificadas pueden ser clonadas en vectores apropiados y caracterizadas por medio de análisis de secuencia de ADN.

Como se usa aquí, "ARNi" o "ARN de interferencia" se refiere al proceso de silenciamiento del gen post-transcripcional específico de la secuencia en plantas, mediado por ARN bicatenario (ARN bicatenario). Como se usa aquí, "ARN bicatenario" se refiere al ARN que es parcial o completamente bicatenario. ARN bicatenario también se refiere a ARN pequeño o corto de interferencia (ARNci), ácido nucleico corto de interferencia (ANci), ARN corto de interferencia, micro-ARN (miARN), y similares. En el proceso del ARNi, se introduce ARN bicatenario que comprende una primera cadena que es sustancialmente idéntica a una porción de un gen objetivo, por ejemplo un

gen tipo OPR3, y una segunda cadena que es complementaria a la primera cadena en una planta. Después de su introducción en la planta, se procesa el ARN bicatenario específico del gen objetivo en fragmentos relativamente pequeños (los ARNci) y, posteriormente, puede ser distribuido por toda la planta, dando lugar a una mutación con pérdida de la función que tiene un fenotipo que, durante el período de una generación, puede llegar a parecerse estrechamente al fenotipo resultante de una supresión completa o parcial del gen objetivo. Alternativamente, el ARN bicatenario específico del gen objetivo está operativamente asociado con un elemento regulador o promotor que da como resultado la expresión del ARN bicatenario en un tejido, de manera temporal, espacial o inducible y además pueden ser procesado en fragmentos relativamente pequeños por una célula vegetal que contiene la maquinaria para el procesamiento de ARNi, y se obtiene el fenotipo de pérdida de la función. Además, el elemento regulador o promotor puede dirigir la expresión de preferencia a las raíces o a los sincitios o a las células gigantes en donde el ARN bicatenario puede ser expresado ya sea constitutivamente en esos tejidos o por inducción por medio de la alimentación del nemátodos o del nemátodo juvenil, tal como los nemátodos J2.

Como se usa aquí, teniendo en cuenta la sustitución de uracilo por timina al comparar secuencias de ARN y de ADN, el término "sustancialmente idénticas" como se aplica para ARN bicatenario significa que la secuencia de nucleótidos de una cadena del ARN bicatenario es al menos aproximadamente 80% - 90% idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos del gen objetivo, más preferiblemente, aproximadamente al menos 90 - 95% idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos del gen objetivo, y lo más preferiblemente aproximadamente al menos 95%, 96%, 97%, 98% o 99% idéntica o absolutamente idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos del gen objetivo. 20 o más nucleótidos significa una porción, siendo aproximadamente al menos de 20, 21, 22, 23, 24, 25, 50, 100, 200, 300, 400, 500, 1000, 1500 ó 2000 bases consecutivas o hasta la longitud completa del gen objetivo.

Como se usa aquí, polinucleótidos "complementarios" son aquellos que son capaces de aparearse con bases de acuerdo con las reglas estándar de complementariedad de Watson-Crick. Específicamente, las purinas se aparearán con pirimidinas para formar una combinación de guanina apareada con citosina (G:C) y la adenina se apareará ya sea con timina (A:T) en el caso del ADN, o la adenina se apareará con uracilo (A:U) en el caso de ARN. Se entiende que dos polinucleótidos pueden hibridarse entre sí, incluso si no son totalmente complementarias entre sí, siempre y cuando cada una tenga al menos una región que es sustancialmente complementaria a la otra. Como se usa aquí, el término "sustancialmente complementarias" significa que dos secuencias de ácido nucleico son complementarias al menos sobre un 80% de sus nucleótidos. Preferiblemente, las dos secuencias de ácido nucleico son complementarios sobre al menos 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% o más o todos sus nucleótidos. Alternativamente, "sustancialmente complementarias" significa que dos secuencias de ácido nucleico puede hibridar bajo condiciones de alta rigurosidad. Como se utiliza aquí, el término "sustancialmente idénticas" o "correspondientes a" significa que dos secuencias de ácido nucleico tienen al menos 80% de identidad de secuencia. Preferiblemente, las dos secuencias de ácido nucleico tienen al menos 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% o 100% de identidad de secuencia.

También como se utilizan aquí, los términos "ácido nucleico" y "polinucleótido" se refieren al ARN o al ADN que son lineales o ramificados, monocatenarios o bicatenarios, o un híbrido de los mismos. El término también abarca híbridos de ADN / ARN. Cuando se produce sintéticamente ARN bicatenario, las bases menos comunes, tales como inosina, 5-metilcitosina, 6-metiladenina, hipoxantina y otras también pueden ser utilizadas para apareamiento antisentido, de ARN bicatenario, y de ribozima. Por ejemplo, los polinucleótidos que contienen análogos propino C-5 de uridina y de citidina han demostrado que enlazan ARN con una alta afinidad y que son potentes inhibidores antisentido de la expresión del gen. También pueden hacerse otras modificaciones, tales como una modificación de la columna vertebral de fosfodiéster, o la 2'-hidroxi en el grupo del azúcar ribosa del ARN.

Como se utiliza aquí, el término "control", cuando se usa en el contexto de una infección, se refiere a la reducción o a la prevención de una infección. La reducción o la prevención de una infección por un nemátodo causará que una planta tenga mayor resistencia a los nemátodos; sin embargo, tal mayor resistencia no implica necesariamente que la planta tenga 100% de resistencia a la infección. En realizaciones preferidas, la resistencia a la infección por un nemátodo en una planta resistente es mayor al 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% ó 95% en comparación con una planta de tipo silvestre que no es resistente a los nemátodos. Preferiblemente, la planta de tipo silvestre es una planta de un genotipo similar, más preferentemente idéntico al de la planta que tiene mayor resistencia a los nemátodos, pero no contiene un ARN bicatenario dirigido al gen objetivo. La resistencia de la planta a la infección por el nemátodo puede ser debida a la muerte, esterilidad, retardo en el desarrollo, o movilidad debilitada del nemátodo después de exposición a la planta que contiene ARN bicatenario específico a un gen esencial para el desarrollo o el mantenimiento de un sitio de alimentación funcional, sincitios, o células gigantes. El término "resistente a la infección por nemátodos" o "una planta que tiene resistencia a los nemátodos" como se usan aquí se refieren a la capacidad de una planta, en comparación con una planta de tipo silvestre, para evitar la infección por nemátodos, para matar nemátodos o para obstaculizar, reducir o detener el desarrollo, crecimiento o multiplicación de los nemátodos. Esto puede lograrse mediante un proceso activo, por ejemplo, mediante la producción de una sustancia perjudicial para el nemátodo, o por medio de un proceso pasivo, como tener un valor nutricional reducido para el nemátodo o no desarrollar estructuras inducidas por el sitio de alimentación del nemátodo como sincitios o células gigantes. El nivel de resistencia del nemátodo de una planta se puede determinar

de diferentes maneras, por ejemplo, contando los nemátodos que son capaces de establecer parasitismo sobre esa planta, o midiendo los tiempos de desarrollo de los nemátodos, la proporción de los nemátodos macho y hembra o, para los nemátodos del quiste, contando el número de quistes o de huevos de nemátodos producidos en las raíces de una planta infectada o un sistema de ensayo de la planta.

- 5 El término "planta" pretende abarcar las plantas en cualquier etapa de maduración o de desarrollo, así como cualquiera de los tejidos u órganos (partes de la planta) tomados o derivados de cualquiera de tales plantas, a menos que se indique claramente otra cosa por el contexto. Las partes de la planta incluyen, pero no se limitan a, tallos, raíces, flores, óvulos, estambres, semillas, hojas, embriones, regiones meristemáticas, tejido calloso, cultivos de antera, gametófitos esporofitos, polen, microesporas, protoplastos, cultivos de raíces velludas, y similares. La
10 presente invención también incluye semillas producidas por las plantas de la presente invención. En una realización, las semillas son líneas genéticamente puras para una mayor resistencia a la infección por nemátodos en comparación con una variedad de tipo silvestre de la semilla de la planta. Como se usa aquí, una "célula de una planta" incluye, pero no está limitado a, un protoplasto, una célula productora de gametos, y una célula que se regenera en una planta completa. El cultivo de tejido de diferentes tejidos de plantas y la regeneración de las plantas
15 a partir de allí es bien conocido en la técnica y publicado ampliamente.

- Como se usa aquí, el término "transgénico" se refiere a cualquier planta, célula de la planta, callo, tejido de la planta, o parte de la planta que contiene todo o parte de al menos un polinucleótido recombinante. En muchos casos, todo o parte del polinucleótido recombinante está integrado en forma estable en un cromosoma o en un elemento extra-cromosómico estable, de modo que sea transmitido a las generaciones sucesivas. Para los fines de la invención, el
20 término "polinucleótido recombinante" se refiere a un polinucleótido que ha sido alterado, reordenado, o modificado por medio de ingeniería genética. Los ejemplos incluyen cualquier polinucleótido clonado, o polinucleótidos, que están ligados o unidos a secuencias heterólogas. El término "recombinante" no se refiere a alteraciones de polinucleótidos que resultan de eventos de ocurrencia natural, tales como mutaciones espontáneas, o de mutagénesis no espontánea seguida por reproducción selectiva.

- 25 Como se usa aquí, el término "cantidad suficiente para inhibir la expresión" se refiere a una concentración o cantidad del ARN bicatenario que es suficiente para reducir los niveles o la estabilidad del ARNm o de la proteína producida a partir de un gen objetivo en una planta. Como se usa aquí, "inhibición de la expresión" se refiere a la ausencia o a la disminución observable en el nivel de proteína y / o del producto del ARNm de un gen objetivo. La inhibición de la expresión del gen objetivo puede ser letal para el nemátodo parásito ya sea directa o indirectamente a través de la
30 modificación o de la erradicación del sitio de alimentación, los sincitios o las células gigantes, o tal inhibición puede retrasar o impedir la entrada en una etapa particular de desarrollo (por ejemplo, la metamorfosis), si el acceso a un sitio de alimentación totalmente funcional, a los sincitios, o a las células gigantes está asociado con una etapa particular del ciclo de vida del nemátodo parásito. Las consecuencias de la inhibición puede ser confirmadas por medio del examen de la raíz de la planta para la reducción o la eliminación de los quistes o de otras propiedades del
35 nemátodo o de la infestación por nemátodos (tal como se presenta más adelante en el Ejemplo 3).

- De acuerdo con los usos de la invención, un planta se transforma con un ácido nucleico o un ARN bicatenario, que inhibe específicamente la expresión de un gen tipo OPR3 en la planta que es esencial para el desarrollo o el mantenimiento de un sitio de alimentación, sincitios, o de células gigantes; en última instancia afectan la supervivencia, metamorfosis, o reproducción del nemátodo. En una realización, el ARN bicatenario es codificado por
40 un vector que ha sido transformado en un antepasado de la planta infectada. Preferiblemente, la secuencia de ácido nucleico que expresa dicho ARN bicatenario está bajo el control transcripcional de un promotor específico de la raíz o de un promotor específico de la célula que alimenta al nemátodo parásito o un promotor inducible por un nemátodo.

- En consecuencia, el ARN bicatenario mencionado de acuerdo con la invención comprende una primera cadena que es sustancialmente idéntica a una porción del gen objetivo tipo OPR3 de un genoma de la planta, y una segunda
45 cadena que es sustancialmente complementaria a la primera cadena. El gen objetivo se selecciona de entre el grupo que consiste de: a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29; b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en la SEQ ID NO: 3 ó 30; y c) un polinucleótido que tiene 70% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29. La longitud de las secuencias de nucleótidos bicatenarias
50 sustancialmente idénticas puede ser al menos aproximadamente de 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 50, 100, 200, 300, 400, 500, 1000, 1500 bases consecutivas o hasta la longitud completa del gen tipo OPR3. En una realización preferida, la longitud de la secuencia de nucleótidos bicatenaria es aproximadamente de 19 hasta aproximadamente 200 - 500 nucleótidos consecutivos de longitud. En otra realización preferida, el ARN bicatenario es sustancialmente
55 idéntico o es idéntico a las bases 1 a 229 de la SEQ ID NO: 2.

Como se mencionó anteriormente, los fragmentos de ARN bicatenario aproximadamente mayores a 19 - 24 nucleótidos de longitud se escinden en forma intracelular por parte de los nemátodos y plantas, hasta ARN bicatenario de alrededor de 19 - 24 nucleótidos de longitud, y estos ARN bicatenario son los mediadores reales del

fenómeno del ARNi. La tabla en las Figuras 5a - 5j expone un ejemplo de 21 mers de los genes tipo OPR3 como se define aquí. Esta tabla también puede ser utilizada para calcular los 19, 20, 22, 23 ó 24 mers por medio de la adición o sustracción del número apropiado de nucleótidos de cada 21 mers. De este modo, el ARN bicatenario de la presente invención puede variar en longitud desde aproximadamente 21 nucleótidos a 200 nucleótidos. Preferiblemente, el ARN bicatenario mencionado de acuerdo con la invención tiene una longitud de aproximadamente 21 nucleótidos hasta 600 nucleótidos consecutivos o hasta la longitud total del gen tipo OPR3. Más preferiblemente, dicho ARN bicatenario tiene una longitud de aproximadamente 21 nucleótidos hasta 500 nucleótidos consecutivos, o desde aproximadamente 21 nucleótidos hasta aproximadamente de 200 nucleótidos consecutivos.

- 10 Como se describe en este documento, no se requiere de una identidad de secuencia del 100% entre el ARN y el gen objetivo para practicar la presente invención. Aunque se prefiere un ARN bicatenario que contiene una secuencia de nucleótidos idéntica a una porción del gen tipo OPR3 para la inhibición, la invención se pueden tolerar variaciones de la secuencia de las que pueden ser esperadas debido a la manipulación de genes o la síntesis, mutación genética, polimorfismo de cadena, o divergencia evolutiva. De este modo, los ARN bicatenarios también abarcan a los ARN bicatenario que contienen una falta de correspondencia con el gen objetivo de al menos 1, 2 o más nucleótidos. Por ejemplo, se contempla en la presente invención que las secuencias de ARN bicatenario de 21 mers ejemplificadas en las Figuras 5a - 5j puede contener una adición, supresión o sustitución de 1, 2 o más nucleótidos, siempre y cuando la secuencia resultante aún interfiera con la función del gen tipo OPR3.

- 20 La identidad de secuencia entre los ARN bicatenarios y los genes objetivo tipo OPR3 puede ser optimizada por medio de los algoritmos de comparación y alineación de secuencias conocidos en la técnica (véase Gribskov y Devereux, Sequence Analysis Primer, Stockton Press, 1991, y las referencias allí citadas) y calculando la diferencia porcentual entre las secuencias de nucleótidos, por ejemplo, por medio del algoritmo de Smith-Waterman como el implementado en el programa de software BESTFIT utilizando parámetros predeterminados (por ejemplo, del University of Wisconsin Genetic Computing Group). Se prefiere una identidad de secuencia superior al 80%, una identidad de secuencia del 90%, o incluso una identidad de secuencia del 100%, entre el ARN inhibidor y la porción del gen objetivo. Alternativamente, la región dúplex del ARN puede ser definida funcionalmente como una secuencia de nucleótidos que es capaz de hibridar con una porción del transcrito del gen objetivo bajo condiciones rigurosas (por ejemplo, NaCl 400 mM, PIPES 40 mM de pH 6,4, EDTA 1 mM, hibridación a 60°C durante 12 - 16 horas, seguido por lavado a 65°C con SDS al 0,1% y SSC al 0,1% durante aproximadamente 15 - 60 minutos).

- 30 Cuando el ARN bicatenario tiene una longitud aproximadamente mayor a 21 nucleótidos, por ejemplo, de 50 nucleótidos de 1000 nucleótidos, será escindido al azar hasta ARN bicatenario de alrededor de 21 nucleótidos dentro de la célula de la planta o de la célula del nemátodo parásito, los ARNci. La escisión de un ARN bicatenario más largo de la invención dará lugar a una reunión de los ARN bicatenario de 21 mers (en el rango de 19 mers hasta 24 mers), derivados del ARN bicatenario más largo. Esta reunión de los ARN bicatenario de aproximadamente 21 mers está también abarcada dentro del alcance de la presente invención, ya sea generada en forma intracelular dentro de la planta o el nemátodo o sintéticamente utilizando métodos conocidos de síntesis de oligonucleótidos.

- Los ARNci mencionados de acuerdo con la invención tienen secuencias correspondientes a fragmentos de 19 - 24 nucleótidos contiguos a través de toda la secuencia de un gen objetivo tipo OPR3. Por ejemplo, una reserva de ARNci de la invención derivada de los genes tipo OPR3 como los expuestos en las SEQ ID NOs: 1, 2, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, ó 29 puede incluir una multiplicidad de moléculas de ARN que se seleccionan del grupo que consta de oligonucleótidos que contienen una cadena que es sustancialmente idéntica a los nucleótidos de 21 mers de las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29 encontradas en las Figuras 5a - 5j. Una reserva de ARNci como la mencionada de acuerdo con la invención derivada de genes tipo OPR3 descritos por las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29 o también puede incluir combinación de las moléculas específicas de ARN que tengan cualquiera de las 21 secuencias contiguas de nucleótidos derivadas de las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29 expuestas en las figuras 5a - 5j. Además, como se señaló anteriormente, varias Dicers especializadas múltiples en las plantas generan los ARNci típicamente en en rango de tamaño desde 19 nt hasta 24 nt (véase Henderson et al., 2006. Nature Genetics 38: 721 - 725.). Dichos ARNci pueden variar desde aproximadamente 19 secuencias contiguas de nucleótidos hasta aproximadamente 24 secuencias contiguas de nucleótidos. De manera similar, una reserva de ARNci de la invención puede incluir una multiplicidad de moléculas de ARN que tengan cualquiera entre aproximadamente 19, 20, 21, 22, 23 ó 24 secuencias contiguas de nucleótidos derivadas de las SEQ ID NOs: 1, 2. Alternativamente, la reserva de ARNci puede comprender una multiplicidad de moléculas de ARN que tienen una combinación de cualquiera entre aproximadamente 19, 20, 21, 22, 23, y/o 24 secuencias contiguas de nucleótidos derivadas de las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29.

- 55 El ARN bicatenario de acuerdo con la invención puede comprender opcionalmente un solo voladizo monocatenario en cualquiera o en ambos extremos. La estructura bicatenaria puede estar formada por una sola cadena autocomplementaria de ARN (es decir, que forma un bucle de horquilla) o dos cadenas complementarias de ARN. La formación de ARN dúplex se puede iniciar ya sea dentro o fuera de la célula. Cuando el ARN bicatenario de la invención forma un bucle de horquilla, puede opcionalmente contener un intrón, como el expuesto en la solicitud de

patente de los Estados Unidos No. 2003/0180945A1 o un espaciador de nucleótidos, que es un tramo de secuencia entre las cadenas de ARN complementario para estabilizar el transgén en horquilla en las células. Los métodos para elaborar diversas moléculas de ARN bicatenario se exponen, por ejemplo, en el documento WO 99/53050 y en la Patente de los Estados Unidos No. 6.506.559. El ARN puede ser introducido en una cantidad que permita el suministro de al menos una copia por célula. Dosis más altas de material bicatenario pueden producir una inhibición más efectiva.

Se divulga aquí un vector de expresión recombinante aislado que comprende un ácido nucleico que codifica una molécula de ARN bicatenario como se describió anteriormente, en donde la expresión del vector en una célula huésped de una planta da como resultado una mayor resistencia a un nemátodo parásito, en comparación con una variedad de tipo silvestre de una célula huésped de una planta. Como se usa aquí, el término "vector" se refiere a una molécula de ácido nucleico capaz de transportar otro ácido nucleico al cual se ha ligado. Un tipo de vector es un "plásmido", que se refiere a un bucle circular de ADN bicatenario dentro del cual se pueden ligar segmentos adicionales de ADN. Otro tipo de vector es un virus vector viral, en donde los segmentos adicionales de ADN se pueden ligar dentro del genoma viral. Ciertos vectores son capaces de replicación autónoma en una célula huésped de una planta dentro de la cual se introducen. Otros vectores se integran en el genoma de una célula huésped de una planta después de la introducción en la célula huésped, y con ello se replican junto con el genoma huésped. Además, ciertos vectores son capaces de dirigir la expresión de genes a los que están enlazados operativamente. Tales vectores se denominan aquí como "vectores de expresión." En general, los vectores de expresión de utilidad en las técnicas de ADN recombinante son a menudo en forma de plásmidos. En la presente memoria descriptiva, "plásmido" y "vector" se puede utilizar indistintamente ya que el plásmido es la forma más usual de vector. Sin embargo, se pretende incluir otras formas de vectores de expresión, tales como vectores virales (por ejemplo, el virus X de la patata, el virus sonajero del tabaco, y Geminivirus), que sirven funciones equivalentes.

Dichos vectores de expresión recombinante comprenden un ácido nucleico de la invención en una forma adecuada para la expresión del ácido nucleico en una célula huésped de una planta, lo que significa que el vector de expresión recombinante incluye una o más secuencias reguladoras, por ejemplo, promotores, seleccionados con base en las células huésped de la planta que son utilizadas para la expresión, que están operativamente enlazadas a la secuencia de ácido nucleico que va a ser expresada. Con respecto a un vector de expresión recombinante, los términos "operativamente enlazado" y "en asociación operativa" son intercambiables y se pretende que signifiquen que la secuencia de nucleótidos de interés está enlazada a la(s) secuencia(s) reguladora(s) en una forma que permita la expresión de la secuencia de nucleótidos (por ejemplo, en una célula huésped de una planta cuando se introduce el vector en la célula huésped de la planta). El término "secuencia reguladora" pretende incluir promotores, reforzadores, y otros elementos de control de la expresión (por ejemplo, señales de poliadenilación). Tales secuencias reguladoras están descritas, por ejemplo, en Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990) y en Gruber y Crosby, en: Methods in Plant Molecular Biology y Biotechnology, Eds. Glick and Thompson, capítulo 7, 89 - 108, CRC Press: Boca Raton, Florida, incluidas las referencias citadas allí. Las secuencias reguladoras incluyen aquellas que dirigen la expresión constitutiva de una secuencia de nucleótidos en muchos tipos de células huésped y aquellas que dirigen la expresión de la secuencia de nucleótidos sólo en ciertas células huésped o bajo ciertas condiciones. Se apreciará por parte de aquellos capacitados en el arte que el diseño del vector de expresión puede depender de factores tales como la elección de la célula huésped que va a ser transformada, el nivel de expresión del ARN bicatenario deseado, etc. Los vectores de expresión de la invención pueden ser introducidos en células de una planta huésped para producir con ello las moléculas de ARN bicatenarias de la invención codificadas por ácidos nucleicos como se describe aquí.

El vector de expresión recombinante comprende una secuencia reguladora operativamente enlazada a una secuencia de nucleótidos que es un molde para una o ambas cadenas de las moléculas de ARN bicatenario de la invención. La molécula de ácido nucleico comprende además un promotor que flanquea ambos extremos de la molécula de ácido nucleico, en donde los promotores dirigen la expresión de cada cadena individual de ADN, generando de este modo dos ARN complementarios que hibridan y forman el ARN bicatenario. La molécula de ácido nucleico comprende una secuencia de nucleótidos que se transcribe en ambas cadenas del ARN bicatenario en una unidad de transcripción, en la que la cadena sentido se transcribe a partir del extremo 5' de la unidad de transcripción y la cadena antisentido se transcribe a partir del extremo 3', en donde las dos hebras se separan por aproximadamente 3 hasta aproximadamente 500 pares de bases o más, y en donde después de la transcripción, el transcrito de ARN se pliegan sobre sí mismos para formar una horquilla. La región espaciadora en la transcripción en forma de horquilla puede ser cualquier fragmento de ADN.

Cualquier polinucleótido introducido puede ser mantenido en la célula vegetal en forma estable si se incorpora dentro de un replicón autónomo no cromosómico o se integra en los cromosomas de la planta. Alternativamente, el polinucleótido introducido puede estar presente sobre un vector no replicante extracromosómico y se expresa de forma transitoria o transitoriamente activa. Si está presente en un vector no replicante extracromosómico o en un vector que está integrado en un cromosoma, el polinucleótido reside preferiblemente en un casete de expresión de la planta. Un casete de expresión de la planta contiene preferiblemente secuencias reguladoras capaces de dirigir la expresión génica en células de la planta que están operativamente enlazadas de manera que cada secuencia pueda

cumplir su función, por ejemplo, la terminación de la transcripción por medio de señales de poliadenilación. Las señales de poliadenilación preferidas son las que se originan a partir del ADN-t de *Agrobacterium tumefaciens*, tales como el gen 3 conocido como octopina sintasa del plásmido Ti pTiACH5 (Gielen et al., 1984, EMBO J. 3: 835) o equivalentes funcionales del mismo, pero también son adecuados todos los otros terminadores funcionalmente activos en plantas. Como la expresión del gen de la planta a menudo no se limita a niveles transcripcionales, un casete de expresión de una planta preferiblemente contiene otras secuencias operativamente enlazadas como reforzadoras de la traducción, tales como la secuencia intensificadora (*overdrive*) que contiene la secuencia líder no traducida 5' del virus del mosaico del tabaco que mejora la relación de polipéptido por ARN (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15: 8693 - 8711). Los ejemplos de vectores de expresión de las plantas incluyen aquellos detallados en: Becker, D. et al, 1992, New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border, Plant Mol. Biol. 20: 1195 - 1197; Bevan, M. W., 1984, Binary Agrobacterium vectors for plant transformation, Nucl. Ácid. Res. 12: 8711 - 8721 y Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; en: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds.: Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15 - 38.

La expresión del gen de la planta debe estar operativamente enlazada a un promotor apropiado que confiere la expresión del gen en una forma temporal preferida, espacial preferida, preferida por el tipo de célula, y / o preferida por el tejido. Los promotores útiles en los casetes de expresión de la invención incluyen a cualquier promotor que sea capaz de iniciar la transcripción en una célula vegetal presente en las raíces de la planta. Tales promotores incluyen, pero no se limitan a, aquellos que pueden obtenerse a partir de plantas, virus y bacterias de plantas que contienen genes que se expresan en las plantas, tales como *Agrobacterium* y *Rhizobium*. Preferiblemente, el casete de expresión de la invención comprende un promotor específico de la raíz, un promotor inducible por un patógeno, o un promotor inducible por un nemátodo. Más preferiblemente, el promotor inducible por un nemátodo es un promotor específico del sitio de alimentación del nemátodo parásito. Un promotor específico del sitio de alimentación del nemátodo parásito puede ser específico para células sincitiales o células gigantes o específico para ambos tipos de células. Un promotor es inducible, si su actividad, medida sobre la cantidad de ARN producida bajo el control del promotor, es al menos 30%, 40%, 50%, preferiblemente al menos 60%, 70%, 80%, 90%, más preferiblemente al menos 100%, 200%, 300% más alta en su estado inducido, que en su estado no inducido. Un promotor es específico de la célula, del tejido o del órgano, si su actividad, medida sobre la cantidad de ARN producida bajo el control del promotor, es al menos 30%, 40%, 50%, preferiblemente al menos 60%, 70%, 80%, 90%, más preferiblemente al menos 100%, 200%, 300% más alta en un determinado tipo de célula, tejido u órgano, además en otros tipos de células o tejidos de la misma planta, preferiblemente los otros tipos de células o tejidos son tipos de células o tejidos del mismo órgano de la planta, por ejemplo, una raíz. En el caso de promotores específicos de un órgano, la actividad del promotor tiene que ser comparada con la actividad del promotor en otros órganos de la planta, por ejemplo, hojas, tallos, flores o semillas.

El promotor puede ser constitutivo, inducible, preferido de una etapa de desarrollo, preferido de un tipo de célula, preferido de un tejido o preferido de un órgano. Los promotores constitutivos son activos en la mayoría de condiciones. Ejemplos no limitantes de promotores constitutivos incluyen a los promotores 19S y 35S del CaMV (Odell et al., 1985, Nature 313: 810 - 812), al promotor 35S del CaMV SX (Kay et al., 1987, Science 236: 1299 - 1302), al promotor Sep1, al promotor de actina de arroz (McElroy et al., 1990, Plant Cell 2: 163 - 171), al promotor de actina de *Arabidopsis*, al promotor de ubiquitina (Christensen et al., 1989, Plant Molec. Biol. 18: 675 - 689); pEmu (Last et al., 1991, Theor Appl Genet 81: 581 - 588), al promotor 35S del virus del mosaico de escrofularia, al promotor Smas (Velten et al, 1984, EMBO J. 3: 2723 - 2730), al promotor GRP1-8, al promotor de la cinamil alcohol deshidrogenasa (Patente de los Estados Unidos No. 5.683.439), los promotores del ADN-T de *Agrobacterium*, tales como manopina sintasa, nopalina sintasa, y de la octopina sintasa, la subunidad pequeña del promotor de la ribulosa bifosfato carboxilasa (ssuRUBISCO), y similares. Se prefieren los promotores que expresan el ARN bicatenario en una célula que es alcanzada por nemátodos parásitos. Alternativamente, el promotor puede dirigir la expresión del ARN bicatenario en un tejido de la planta distante del sitio de contacto con el nemátodo, y el ARN bicatenario puede ser transportado entonces por la planta hasta una célula que es alcanzada por el nemátodo parásito en células particulares de, o cerca de los sitios de alimentación del nemátodo, por ejemplo, células sincitiales o células gigantes.

Los promotores inducibles son activos bajo ciertas condiciones ambientales, tales como la presencia o la ausencia de un nutriente o metabolito, de frío o calor, luz, de un ataque por patógenos, de condiciones anaeróbicas, y similares. Por ejemplo, los promotores TobRB7, AtRPE, AtPyk10, Gemini19 y AtHMG1 han demostrado ser inducidos por nemátodos (para una revisión de los promotores inducibles por nemátodos, véase Ann Rev. Phytopathol (2002) 40: 191 - 219; véase también la Patente de los Estados Unidos No. 6.593.513). Los métodos para aislar promotores adicionales, que son inducibles por nemátodos se exponen en las Patentes de los Estados Unidos Nos. 5.589.622 y 5.824.876. Otros promotores inducibles incluyen al promotor hsp80 de la especie *Brassica*, que es inducible por choque térmico; al promotor PPKK que es inducido por luz; al promotor PR-1 del tabaco; *Arabidopsis* y maíz son inducibles por infección con un patógeno; y el promotor Adh1 es inducido por hipoxia y estrés por frío. La expresión de genes de plantas también puede ser facilitada a través de un promotor inducible (para revisión, véase Gatz, 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 48: 89 - 108). Los promotores químicamente inducibles son especialmente adecuados si se desea la expresión del gen específica en el tiempo. Los ejemplos no limitantes de tales promotores son un promotor inducible por ácido salicílico (Solicitud PCT No. WO

95/19443), un promotor inducible por tetraciclina (Gatz et al., 1992, Plant J. 2: 397 - 404) y un promotor inducible por etanol (solicitud PCT No. WO 93/21334).

Los promotores preferidos en etapa de desarrollo se expresan preferentemente en ciertas etapas del desarrollo. Los promotores preferidos de órganos y tejidos incluyen a aquellos que son preferentemente expresados en determinados tejidos u órganos, tales como hojas, raíces, semillas o xilema. Los ejemplos de promotores preferidos de los tejidos y preferidos de órganos incluyen, pero no se limitan a promotores preferidos de los frutos, preferidos del óvulo, preferidos de tejido macho, preferidos de la semilla, preferidos del integumento, preferidos de los tubérculos, preferidos del tallo, preferidos del pericarpio, y preferidos de la hoja, preferidos del estigma, preferidos del polen, preferidos de la antera, preferidos del pétalo, preferidos del sépalo, preferidos del pedicelo, preferidos de la silicua, preferidos del tallo, preferidos de la raíz y similares. Los promotores preferidos de la semilla se expresan preferentemente durante el desarrollo de la semilla y / o la germinación. Por ejemplo, los promotores preferidos de la semilla pueden ser preferidos del embrión, preferidos del endospermo y preferidos del recubrimiento de la semilla. Véase Thompson et al., 1989, BioEssays 10: 108. Los ejemplos de promotores preferidos de la semilla incluyen, pero no se limitan a celulosa sintasa (celA), Cim1, gamma-zeína, globulina-1, zeína del maíz de 19 kDa (cZ19B1) y similares.

Otros promotores adecuados preferidos del tejido o de órganos incluyen, pero no se limitan a, el promotor del gen de napina de la colza (Patente de los Estados Unidos No. 5.608.152), el promotor de USP de Vicia faba (Baeumlein et al., 1991, Mol Gen Genet. 225(3): 459 - 67), el promotor de oleosina de Arabidopsis (Solicitud PCT No. WO 98/45461), el promotor de faseolina de Phaseolus vulgaris (Patente de los Estados Unidos No. 5.504.200), el promotor de Bce4 de Brassica (Solicitud PCT No. WO 91/13980), o el promotor B4 de legúmina (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2(2): 233 - 9), así como promotores que confieren expresión específica de semilla en plantas monocotiledóneas como el maíz, la cebada, el trigo, el centeno, el arroz, etc. Los promotores adecuados a tener en cuenta son el promotor del gen lpt2 o lpt1 de la cebada (Solicitud PCT No. WO 95/15389 y la solicitud PCT No. WO 95/23230), o los descritos en la Solicitud PCT No. WO 99/16890 (promotores del gen de la hordelina de la cebada, del gen de la glutelina del arroz, del gen de la orizina del arroz, del gen de la prolamina del arroz, del gen de la gliadina del trigo, del gen de la glutelina del trigo, del gen de la glutelina de la avena, del gen de la kasirina del sorgo, y del gen de la secalina del centeno).

Otros promotores útiles en los casetes de expresión de la invención incluyen, pero no se limitan a, el promotor principal de la proteína de enlazamiento de clorofila a/b, los promotores de la histona, el promotor de Ap3, el promotor de β -conglucina, el promotor de napina, el promotor de lecitina de la soja, el promotor de zeína del maíz de 15 kD, el promotor de zeína de 22 kD, el promotor de zeína de 27 kD, el promotor de g-zeína, los promotores cerosos, shrunken 1, shrunken 2, y bronze, el promotor Zm13 (Patente de los Estados Unidos No. 5.086.169), los promotores de la poligalacturonasa del maíz (PG) (Patentes de los Estados Unidos Nos. 5.412.085 y 5.545.546), y el promotor SGB6 (Patente de los Estados Unidos No. 5.470.359), así como promotores sintéticos u otros naturales.

Un casete de expresión comprende una secuencia de control de la expresión operativamente enlazada a una secuencia de nucleótidos que es un molde para una o ambas cadenas del ARN bicatenario. El molde de ARN bicatenario comprende (a) un primer soporte que tiene secuencia sustancialmente idéntica a aquella de aproximadamente 19 a 500, o hasta la longitud completa, nucleótidos consecutivos de un gen tipo OPR3; y (b) una segunda cadena que tiene una secuencia sustancialmente complementaria a la primera cadena. En otras realizaciones, un promotor flanquea cualquier extremo de la secuencia de nucleótidos del molde, en donde los promotores dirigen la expresión de cada cadena individual de ADN, generando de este modo dos ARN complementarios que hibridan y forman el ARN bicatenario. En realizaciones alternativas, se transcribe la secuencia de nucleótidos en ambas cadenas del ARN bicatenario sobre una unidad de transcripción, en donde la cadena de sentido se transcribe a partir del extremo 5' de la unidad de transcripción y la cadena antisentido se transcribe a partir del extremo 3', en donde las dos cadenas están separadas por 3 a 500 pares de bases, y en donde después de la transcripción, la transcripción del ARN se pliega sobre sí misma para formar una horquilla.

El vector puede contener también un promotor bidireccional, que dirige la expresión de dos moléculas de ácido nucleico, con lo cual una molécula de ácido nucleico codifica para la secuencia sustancialmente idéntica a una porción de un gen tipo OPR3 y la otra molécula de ácido nucleico codifica para una segunda secuencia que es sustancialmente complementaria a la cadena primera y capaz de formar un ARN bicatenario, cuando se transcriben ambas secuencias. Un promotor bidireccional es un promotor capaz de mediar la expresión en dos direcciones.

El vector puede contener también dos promotores, uno que media la transcripción de la secuencia sustancialmente idéntica a una porción de un gen tipo OPR3 y otro promotor que media la transcripción de una segunda secuencia que es sustancialmente complementaria a la primera cadena y capaz de formar un ARN bicatenario, cuando se transcriben ambas secuencias. El segundo promotor puede ser un promotor diferente.

Un promotor diferente significa un promotor que tiene una actividad diferente en lo que respecta a la especificidad de

la célula o del tejido, o que muestra expresión sobre diferentes inductores, por ejemplo, patógenos, estrés abiótico o productos químicos. Por ejemplo, un promotor podría ser constitutivo o específico del tejido y otro podría ser específico del tejido o inducible por patógenos. En una realización un promotor media la transcripción de una molécula de ácido nucleico adecuada para la sobreexpresión de un gen tipo OPR3, mientras que otro promotor media la transcripción específica de la célula o del tejido de la transcripción o la expresión inducible por patógeno del ácido nucleico complementario.

La invención también está incluida en una planta transgénica capaz de expresar el ARN bicatenario mencionado anteriormente y por lo tanto inhibir los genes objetivo, por ejemplo, en las raíces, el sitio de alimentación, los sincitios y / o las células gigantes. La planta o la planta transgénica puede ser cualquier planta, tal como, pero sin limitarse a árboles, flores cortadas, plantas ornamentales, vegetales o plantas de cultivo. La planta puede ser de un género seleccionado del grupo que consiste de *Medicago*, *Lycopersicon*, *Brassica*, *Cucumis*, *Solanum*, *Juglans*, *Gossypium*, *Malus*, *Vitis*, *Antirrhinum*, *Populus*, *Fragaria*, *Arabidopsis*, *Picea*, *Capsicum*, *Chenopodium*, *Dendranthema*, *Pharbitis*, *Pinus*, *Pisum*, *Oryza*, *Zea*, *Triticum*, *Triticale*, *Secale*, *Lolium*, *Hordeum*, *Glycine*, *Pseudotsuga*, *Kalanchoe*, *Beta*, *Helianthus*, *Nicotiana*, *Cucurbita*, *Rosa*, *Fragaria*, *Lotus*, *Medicago*, *Onobrychis*, *Trifolium*, *Trigonella*, *Vigna*, *Citrus*, *Linum*, *Geranium*, *Manihot*, *Daucus*, *Raphanus*, *Sinapis*, *Atropa*, *Datura*, *Hyoscyamus*, *Nicotiana*, *Petunia*, *Digitalis*, *Majorana*, *Ciahorium*, *Lactuca*, *Bromus*, *Asparagus*, *Antirrhinum*, *Heterocallis*, *Nemesis*, *Pelargonium*, *Panieu*, *Pennisetum*, *Ranunculus*, *Senecio*, *Salpiglossis*, *Browaalia*, *Phaseolus*, *Avena*, y *Allium*, o se puede seleccionar la planta de un género seleccionado del grupo que consiste de *Arabidopsis*, *Medicago*, *Lycopersicon*, *Brassica*, *Cucumis*, *Solanum*, *Juglans*, *Gossypium*, *Malus*, *Vitis*, *Antirrhinum*, *Brachipodium*, *Populus*, *Fragaria*, *Arabidopsis*, *Picea*, *Capsicum*, *Chenopodium*, *Dendranthema*, *Pharbitis*, *Pinus*, *Pisum*, *Oryza*, *Zea*, *Triticum*, *Triticale*, *Secale*, *Lolium*, *Hordeum*, *Glycine*, *Pseudotsuga*, *Kalanchoe*, *Beta*, *Helianthus*, *Nicotiana*, *Cucurbita*, *Rosa*, *Fragaria*, *Lotus*, *Medicago*, *Onobrychis*, *Trifolium*, *Trigonella*, *Vigna*, *Citrus*, *Linum*, *Geranium*, *Manihot*, *Daucus*, *Raphanus*, *Sinapis*, *Atropa*, *Datura*, *Hyoscyamus*, *Nicotiana*, *Petunia*, *Digitalis*, *Majorana*, *Ciahorium*, *Lactuca*, *Bromus*, *Asparagus*, *Antirrhinum*, *Heterocallis*, *Nemesis*, *Pelargonium*, *Panieu*, *Pennisetum*, *Ranunculus*, *Senecio*, *Salpiglossis*, *Browaalia*, *Phaseolus*, *Avena*, y *Allium*. En una realización, la planta es una planta de mono-cotiledónea o una planta dicotiledónea.

En otra realización de la planta es una planta de cultivo. Las plantas de cultivo son todas las plantas utilizadas en agricultura. Por consiguiente, en una realización la planta es una planta monocotiledónea, preferiblemente una planta de la familia *Poaceae*, *Musaceae*, *Liliaceae* o *Bromeliaceae*, preferentemente de la familia *Poaceae*. Por lo tanto, en aún otra realización la planta es una planta de *Poaceae* del género *Zea*, *Triticum*, *Oryza*, *Hordeum*, *Secale*, *Avena*, *Saccharum*, *Sorghum*, *Pennisetum*, *Setaria*, *Panicum*, *Eleusine*, *Miscanthus*, *Brachypodium*, *Festuca* o *Lolium*. Cuando la planta es del género *Zea*, la especie preferida es *Z. mays*. Cuando la planta es del género *Triticum*, la especie preferida es *T. aestivum*, *T. speltae* o *T. durum*. Cuando la planta es del género *Oryza*, la especie preferida es *O. sativa*. Cuando la planta es del género *Hordeum*, la especie preferida es *H. vulgare*. Cuando la planta es del género *Secale*, la preferida especies es *S. cereale*. Cuando la planta es de género *Avena*, la especie preferida es *A. sativa*. Cuando la planta es del género *Saccharum*, la especie preferida es *S. officinarum*. Cuando la planta es del género *Sorghum*, la especie preferida es *S. vulgare*, *S. bicolor* o *S. sudanense*. Cuando la planta es del género *Pennisetum*, la especie preferida es *P. glaucum*. Cuando la planta es del género *Setaria*, la especie preferida es *S. italica*. Cuando la planta es del género *Panicum*, la especie preferida es *P. miliaceum* o *P. virgatum*. Cuando la planta es del género *Eleusine*, la especie preferida es *E. coracana*. Cuando la planta es del género *Miscanthus*, la especie preferida es *M. sinensis*. Cuando la planta es una planta del género *Festuca*, la especie preferida es *F. arundinaria*, *F. rubra* o *F. pratensis*. Cuando la planta es del género *Lolium*, la especie preferida es *L. perenne* o *L. multiflorum*. Alternativamente, la planta puede ser *Triticosecale*.

Alternativamente, en una realización la planta es una planta dicotiledónea, preferentemente una planta de la familia *Fabaceae*, *Solanaceae*, *Brassicaceae*, *Chenopodiaceae*, *Asteraceae*, *Malvaceae*, *Linaceae*, *Euphorbiaceae*, *Convolvulaceae*, *Rosaceae*, *Cucurbitaceae*, *Theaceae*, *Rubiaceae*, *Sterculiaceae* o *Citrus*. En una realización, la planta es una planta de la familia *Fabaceae*, *Solanaceae* o *Brassicaceae*. Por consiguiente, en una realización la planta es de la familia *Fabaceae*, preferiblemente del género *Glycine*, *Pisum*, *Arachis*, *Cicer*, *Vicia*, *Phaseolus*, *Lupinus*, *Medicago* o *Lens*. Las especies preferidas de la familia *Fabaceae* son *M. truncatula*, *H. sativa*, *G. max*, *P. sativum*, *A. hipogeos*, *C. arietinum*, *V. faba*, *P. vulgaris*, *Lupinus albus*, *Lupinus luteus*, *Lupinus angustifolius* o *Lens culinaris*. Más preferidas son las especies *G. Max*, *A. hipogeos* y *M. sativa*. La más preferida es la especie *G. max*. Cuando la planta es de la familia *Solanaceae*, el género preferido es *Solanum*, *Lycopersicon*, *Nicotiana* o *Capsicum*. Las especies preferidas de la familia *Solanaceae* son *S. tuberosum*, *L. esculentum*, *N. tabacum* o *C. chinense*. La más preferida es *S. tuberosum*. Por consiguiente, en una realización la planta es de la familia *Brassicaceae*, preferiblemente del género *Brassica* o *Raphanus*. Las especies preferidas de la familia *Brassicaceae* son las especies *B. napus*, *B. oleracea*, *B. juncea* y *B. rapa*. La más preferida es la especie *B. napus*. Cuando la planta es de la familia *Chenopodiaceae*, el género preferido es *Beta* y la especie preferida es la *B. vulgaris*. Cuando la planta es de la familia *Asteraceae*, el género preferido es *Helianthus* y la especie preferida es *H. annuus*. Cuando la planta es de la familia *Malvaceae*, el género preferido es *Gossypium* o *Abelmoschus*. Cuando el género es *Gossypium*, la especie preferida es *G. hirsutum* o *G. barbadense* y la especie más preferidas es *G. hirsutum*. Una especie preferida del género *Abelmoschus* es la especie *A. esculentum*. Cuando la planta es de la familia *Linaceae*, el género preferido es *Linum* y la especie preferida es *L. usitatissimum*. Cuando la planta es de la familia *Euphorbiaceae*, del género

preferido es Manihot, Jatropha o Rhizinus y las especies preferidas son M. esculenta, J. curcas o R. communis. Cuando la planta es de la familia Convolvulaceae, el género preferido es Ipomea y la especie preferida es I. batatas. Cuando la planta es de la familia Rosaceae, el género preferido es Rosa, Malus, Pyrus, Prunus, Rubus, Ribes, Vaccinium o Fragaria y la especie preferida es el híbrido Fragaria xananassa. Cuando la planta es de la familia Cucurbitaceae, el género preferido es Cucumis, Citrullus o Cucurbita y la especie preferida es Cucumis sativus, Citrullus lanatus o Cucurbita pepo. Cuando la planta es de la familia Theaceae, el género preferido es Camellia y la especie preferida es C. sinensis. Cuando la planta es de la familia Rubiaceae, el género preferido es Coffea y la especie preferida es C. arábica o C. canephora. Cuando la planta es de la familia Sterculiaceae, el género preferido es Theobroma y la especie preferida es T. cacao. Cuando la planta es del género Citrus, la especie preferida es C. sinensis, C. limon, C. reticulata, C. maxima y los híbridos de la especie Citrus, o similares. En una realización preferida de la invención, la planta es una planta de soja, de patata o de maíz. En una realización, la planta es una planta Fabaceae y el gen objetivo es sustancialmente similar al de las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29.

Los métodos adecuados para transformar o transfectar células huésped incluidas células vegetales son bien conocidos en el arte de la biotecnología de plantas. Cualquier método puede ser utilizado para transformar el vector de expresión recombinante en células de plantas para producir las plantas transgénicas de la invención. Los métodos generales para la transformación de plantas dicotiledóneas se describen, por ejemplo, en las Patentes de los Estados Unidos Nos. 4.940.838, 5.464.763, y similares. Los métodos para la transformación de plantas dicotiledóneas específicas, por ejemplo, algodón, se exponen en las Patentes de los Estados Unidos Nos. 5.004.863, 5.159.135 y 5.846.797. Los métodos de transformación de soja que pueden ser utilizados se exponen en las Patentes de los Estados Unidos Nos. 4.992.375, 5.416.011, 5.569.834, 5.824.877, 6.384.301 y en EP 0301749B1.

Los métodos de transformación puede incluir métodos de transformación directos e indirectos. Los métodos directos adecuados incluyen la incorporación de ADN inducida por polietilén glicol, la transformación mediada por liposomas (Patente de los Estados Unidos No. 4.536.475), métodos biolísticos utilizando la pistola de genes (Fromm M. E. et al, Biol/Technology 8 (9): 833 - 9, 1990; Gordon-Kamm et al. Plant Cell 2: 603, 1990), electroporación, incubación de embriones secos de la planta en una solución que contiene ADN, y microinyección. En el caso de estos métodos de transformación directa, los plásmidos utilizados no tienen que cumplir ningún requerimiento particular. Se pueden utilizar plásmidos simples, tales como aquellos de la serie pUC, pBR322, de la serie M13mp, pACYC184 y similares. Si se deben regenerar plantas intactas a partir de células transformadas, se localiza preferiblemente un gen marcador seleccionable adicional sobre el plásmido. Las técnicas de transformación directa son igualmente adecuadas para plantas dicotiledóneas y monocotiledóneas.

La transformación también puede llevarse a cabo por medio de infección bacteriana a través de Agrobacterium (por ejemplo el documento EP 0 1 16 718), de infección viral por medio de vectores virales (EP 0 067 553; la Patente de los Estados Unidos No. 4.407.956, WO 95/34668, WO 93/03161) o por medio de polen (EP 0 270 356, WO 85/01856; la Patente de los Estados Unidos No. 4.684.611). Las técnicas de transformación basadas en Agrobacterium (especialmente para las plantas dicotiledóneas) son bien conocidas en el arte. La cepa de Agrobacterium (por ejemplo, Agrobacterium tumefaciens o Agrobacterium rhizogenes) incluyen un plásmido (plásmido Ti o Ri) y un elemento de ADN-T que se transfiere a la planta después de la infección con Agrobacterium. El ADN-T (ADN transferido) se integra dentro del genoma de la célula vegetal. El ADN-T puede estar localizado sobre el plásmido Ti o Ri o está incluido por separado en el así llamado vector binario. Los métodos para la transformación mediada por Agrobacterium se describen, por ejemplo, en Horsch R. B. et al. (1985) Science 225: 1229. La transformación mediada por Agrobacterium se adapta mejor a las plantas dicotiledóneas, pero también se ha adaptado a las plantas monocotiledóneas. La transformación de plantas por medio de Agrobacterium se describe, por ejemplo, en White F. F., Vectors for Gene Transfer in Higher Plants, Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, editado por S. D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, páginas 15 - 38; Jené B et al. Techniques for Gene Transfer, Vol. 1, Engineering and Utilization, editado por S. D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, páginas 128 - 143; Potrykus (1991) Annu Rev Plant Physiol Plant Molec Biol. 42: 205 - 225.

La transformación puede dar lugar a transformación y expresión estables o transitorias. Aunque se puede insertar una secuencia de nucleótidos de la presente invención en cualquier planta y célula de la planta que caiga dentro de estas clases amplias, es particularmente útil en las células de plantas de cultivo.

Diferentes tejidos son adecuados como material de partida (explantes) para el proceso de transformación mediado por Agrobacterium incluyendo pero sin limitarse a callo (Patente de los Estados Unidos No. 5.591.616; EP-A1 604 662), embriones de planta inmaduras (EP-A1 672 752), polen (Patente de los Estados Unidos No. 5.929.300), ápice del brote (Patente de los Estados Unidos No. 5.164.310), o en transformación de planta (Patente de los Estados Unidos No. 5.994.624). El método y el material descritos en este documento se puede combinar con casi todos los métodos de transformación mediados por Agrobacterium conocidos en el arte. Las plantas transgénicas de la invención se pueden cruzar con plantas transgénicas similares o con plantas transgénicas que carecen de los ácidos nucleicos de la invención o con plantas no transgénicas, utilizando métodos conocidos de fitomejoramiento de plantas, para preparar las semillas. Además, la planta transgénica de la presente invención puede incluir, y / o ser

cruzada con otra planta transgénica que comprende uno o más ácidos nucleicos, creando así una "pila" de transgenes en la planta y / o en su progenie. Se planta luego la semilla para obtener una planta transgénica fértil cruzada que contiene el ácido nucleico de la invención. La planta transgénica fértil cruzada puede tener el casete de expresión particular heredado a través de un progenitor hembra o a través de un progenitor macho. La segunda planta puede ser una planta endogámica. La planta transgénica fértil cruzada puede ser un híbrido. También se incluyen dentro de la presente invención semillas de cualquiera de estas plantas transgénicas fértiles cruzadas. Las semillas de esta invención pueden ser cosechadas de las plantas transgénicas fértiles y ser utilizadas para cultivar generaciones de progenie de plantas transformadas de la presente invención, incluyendo líneas de plantas híbridas que contienen el constructo de ADN.

El "apilamiento de genes" también puede lograrse mediante la transferencia de dos o más genes en el núcleo de la célula por transformación de las plantas. Múltiples genes pueden ser introducidos en el núcleo de la célula durante la transformación ya sea en forma secuencial o al unísono. Se puede reducir la expresión de múltiples genes en plantas o en especies patógenas objetivo por medio de mecanismos de silenciamiento de genes, específicamente ARNi, por medio del uso de un solo transgén que dirige múltiples secuencias parciales de intereses. También se pueden sobreexpresar múltiples genes apilados bajo el control de promotores individuales para obtener un fenotipo deseado único o múltiple. Los constructos que contienen pilas de genes tanto de genes sobreexpresados como de objetivos silenciados también pueden ser introducidos en plantas que producen fenotipos agrónomicamente importantes únicos o múltiples. En ciertas realizaciones las secuencias de ácido nucleico de la presente invención se puede apilar con cualquier combinación de secuencias de polinucleótidos de interés para crear fenotipos deseados. Las combinaciones pueden producir plantas con una variedad de combinaciones de rasgos incluyendo, pero sin limitarse a, resistencia a enfermedades, tolerancia a los herbicidas, mejora el rendimiento, tolerancia a la sequía y al frío. Estas combinaciones apiladas pueden ser creadas por cualquier método incluyendo, pero sin limitarse a cruzamiento de plantas para fitomejoramiento por medio de métodos convencionales o por transformación genética. Si se amontonan los rasgos por transformación genética, las secuencias de polinucleótidos de interés se pueden combinar de forma secuencial o simultánea en cualquier orden. Por ejemplo, si se van a introducir dos genes, las dos secuencias pueden estar contenidas en casetes de transformación separados o en el mismo casete de transformación. La expresión de las secuencias puede ser dirigida por los mismos promotores o diferentes.

De acuerdo con esta realización, se produce la planta transgénica de la invención por un método que comprende las etapas de proporcionar un gen objetivo tipo OPR3, la preparación de un casete de expresión que tiene una primera región que es sustancialmente idéntica a una porción del gen seleccionado tipo OPR3 y una segunda región que es complementaria a la primera región, la transformación del casete de expresión en una planta, y la selección de la progenie de la planta transformada que expresa al constructo de ARN bicatenario mencionado anteriormente.

Una mayor resistencia a la infección por nemátodos es un rasgo general deseado que se hereda en una amplia variedad de plantas. La presente invención puede ser utilizada para reducir la destrucción de cultivos por cualquier nemátodo parásito de las plantas. Preferiblemente, los nemátodos parásitos pertenecen a familias de nemátodos que inducen células gigantes o sincitiales. Los nemátodos que inducen células gigantes o sincitiales se encuentran en las familias Longidoridae, Trichodoridae, Heterodidae, Meloidogynidae, Pratylenchidae o Tylenchulidae. En particular, en las familias Heterodidae y Meloidogynidae.

En consecuencia, los nemátodos parásitos objetivo de la presente invención pertenecen a uno o más géneros seleccionados entre el grupo de Nacobus, Cactodera, Dolichodera, Globodera, Heterodera, Punctodera, Longidorus o Meloidogyne. En una realización preferida, los nemátodos parásitos pertenecen a uno o más géneros seleccionados entre el grupo de Nacobus, Cactodera, Dolichodera, Globodera, Heterodera, Punctodera o Meloidogyne. En una realización más preferida los nemátodos parásitos pertenecen a uno o más géneros seleccionados entre el grupo de Globodera, Heterodera, o Meloidogyne. En una realización aún más preferida, los nemátodos parásitos pertenecen a uno o a ambos géneros seleccionados entre el grupo de Globodera o Heterodera. En otra realización, los nemátodos parásitos pertenecen al género Meloidogyne.

Cuando los nemátodos parásitos son del género Globodera, las especies son preferiblemente del grupo que consiste de *G. achilleae*, *G. artemisiae*, *G. hypolyti*, *G. mexicana*, *G. millefolii*, *G. mali*, *G. pallida*, *G. rostochiensis*, *G. tabacum*, y *G. virginiae*. En otra realización preferida, los nemátodos parásitos Globodera incluyen al menos una de las especies *G. pallida*, *G. tabacum*, o *G. rostochiensis*. Cuando los nemátodos parásitos son del género Heterodera, las especies pueden ser preferiblemente del grupo que consiste de *H. avenae*, *H. carotae*, *H. ciceri*, *H. cruciferae*, *H. delvii*, *H. elachista*, *H. filipjevi*, *H. gambiensis*, *H. glycines*, *H. goettingiana*, *H. graduni*, *H. humuli*, *H. hordecalis*, *H. latipons*, *H. major*, *H. medicaginis*, *H. oryzicola*, *H. pakistanensis*, *H. rosii*, *H. sacchari*, *H. schachtii*, *H. sorghi*, *H. trifolii*, *H. urticae*, *H. vigni* y *H. zaeae*. En otra realización preferida, los nemátodos parásitos de Heterodera incluyen al menos uno de la especie *H. glycines*, *H. avenae*, *H. cajani*, *H. Gottingiana*, *H. trifolii*, *H. zaeae* o *H. schachtii*. En una realización más preferida, los nemátodos parásitos incluyen al menos uno de la especie *H. glycines* o *H. schachtii*. En una realización más preferida, el nemátodo parásito es la especie *H. glycines*.

Cuando los nemátodos parásitos son del género Meloidogyne, el nemátodo parásito puede ser seleccionado del

grupo que consiste de *M. acronea*, *M. arabica*, *M. arenaria*, *M. artiellia*, *M. brevicauda*, *M. camelliae*, *M. chitwoodi*, *M. cofeicola*, *M. esigua*, *M. graminicola*, *M. hapla*, *M. incognita*, *M. indica*, *M. inomata*, *M. javanica*, *M. lini*, *M. mali*, *M. microcephala*, *M. microtyla*, *M. naasi*, *M. salasi* y *M. thamesi*. En una realización preferida, los nemátodos parásitos incluyen al menos uno de la especie *M. javanica*, *M. incognita*, *M. hapla*, *M. arenaria* o *M. chitwoodi*.

- 5 Los siguientes ejemplos no pretenden limitar el alcance de las reivindicaciones de la invención, sino por el contrario están destinadas a servir como ejemplo de ciertas realizaciones. Cualquier variación en los métodos ejemplificados que se presenten a la persona capacitada se pretende que caigan dentro del alcance de la presente invención.

Breve descripción de los dibujos

La figura 1 muestra la tabla de las SEQ ID NOs asignadas a las secuencias correspondientes.

- 10 Las figuras 2a - 2c muestran una alineación de aminoácidos de las proteínas del tipo OPR3: la proteína tipo GmOPR3 de longitud completa (SEQ ID NO: 30), Q9FEW9 de tomate (SEQ ID NO: 8), la proteína codificada por At2g06050 de Arabidopsis (SEQ ID NO: 10), AAY27752 de Hevea (SEQ ID NO: 12), EAZ42984 de arroz (SEQ ID NO: 14), AAY26527 de maíz (SEQ ID NO: 16), AAY26528 de maíz (SEQ ID NO: 18), EG030595 de Arachis (SEQ ID NO: 20), la proteína codificada por TA29350_4113 de Solanum (SEQ ID NO: 22), la proteína codificada por TA4283_3760 de Prunus (SEQ ID NO: 24), la proteína codificada por TA23750_3635 de Gossypium (SEQ ID NO: 26) y la proteína codificada por TA7248_49390 de Coffea (SEQ ID NO: 28). La alineación se realizó con el paquete de software Vector NTI (penalización por apertura de un espacio = 10, penalización por extensión del espacio = 0,05, penalización por separación del espacio = 8). Se determinó la secuencia tipo GmOPR3 de longitud completa a través de PCR RACE 5' como se describe en el Ejemplo 4.

- 20 La figura 3 muestra el porcentaje de identidad global de aminoácidos de ejemplos de genes tipo OPR3: proteína tipo GmOPR3 de longitud completa (SEQ ID NO: 30), Q9FEW9 de tomate (SEQ ID NO: 8), la proteína codificada por At2g06050 de Arabidopsis (SEQ ID NO: 10), AAY27752 de Hevea (SEQ ID NO: 12), EAZ42984 de arroz (SEQ ID NO: 14), AAY26527 de maíz (SEQ ID NO: 16), AAY26528 de maíz (SEQ ID NO: 18), EG030595 de Arachis (SEQ ID NO: 20), la proteína codificada por TA29350_4113 de Solanum (SEQ ID NO: 22), la proteína codificada por TA4283_3760 de Prunus (SEQ ID NO: 24), la proteína codificada por TA23750_3635 de Gossypium (SEQ ID NO: 26) y la proteína codificada por TA7248_49390 de Coffea (SEQ ID NO: 28). Las alineaciones por pares y el porcentaje de identidad se calcularon utilizando Needle de EMBOSS-4.0.0 (Needleman, S. B. y Wunsch, C. D. (1970) J. Mol. Biol. 48, 443 - 453).

- 30 La figura 4 muestra el porcentaje de identidad global de ejemplos de nucleótidos de genes tipo OPR3: el ADN tipo GmOPR3 de longitud completa (SEQ ID NO: 29), ADN para Q9FEW9 de tomate (SEQ ID NO: 7), ADN para At2g06050 de Arabidopsis (SEQ ID NO: 9), ADN para AAY27752 de Hevea (SEQ ID NO: 11), ADN para EAZ42984 del arroz (SEQ ID NO: 13), ADN para AAY26527 de maíz (SEQ ID NO: 15), ADN para AAY26528 de maíz (SEQ ID NO: 17), ADN para EG030595 de Arachis (SEQ ID NO: 19), ADN para TA29350_4113 de Solanum (SEQ ID NO: 21), ADN para TA4283_3760 de Prunus (SEQ ID NO: 23), ADN para TA23750_3635 de Gossypium (SEQ ID NO: 25) y ADN para TA7248_49390 de Coffea (SEQ ID NO: 27). Las alineaciones por pares y el porcentaje de identidad se calcularon utilizando la Needle de EMBOSS-4.0.0.

Las figuras 5a - 5j muestran diferentes 21 mers por la posible posición de los nucleótidos para los ejemplos de polinucleótidos que codifican el tipo OPR3 de las SEC ID NOs: 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, o una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3.

40 EJEMPLOS

Ejemplo 1: Clonación del gen tipo OPR3 de soja

- Se germinó Glycine max cv. Williams 82 y un día después, se inoculó cada plántula con juveniles de la segunda etapa (J2) de *H. glycines* raza 3. Seis días después de la inoculación, se tomaron nuevas muestras de tejido de la raíz en trozos de 1 cm de largo, se las fijó, embebió en un Cryomold y se hizo una selección utilizando métodos conocidos. Se identificaron las células de sincitios por su morfología única de tamaño de celda alargada, pared celular engrosada, y citoplasma denso y se hizo una disección en amortiguador de extracción de ARN utilizando un microscopio PALM (P. A. L. M. Microlaser Technologies GmbH, Bemried, Alemania).

- Se extrajo, amplificó y marcó en forma fluorescente ARN celular total, utilizando métodos conocidos. Como controles, se aisló ARN total tanto de raíces de control "sin sincitios" como no tratadas sometidas al mismo proceso de amplificación del ARN. El ARN amplificado se hibridó con arreglos patentados de ADNc de soja.

Se identificó el clon de ADNc de soja 45174942 por tener expresión reducida en sincitios de las raíces de soja infectadas con SCN. Se determinó que la secuencia de ADNc 45174942 (SEQ ID NO: 1) no era de longitud completa ya que no hay un codón de inicio ATG. Se identificaron los residuos restantes en la secuencia de longitud completa (SEQ ID NO: 29) correspondiente a 45174942 a través de PCR RACE 5' como se describe en el Ejemplo 4.

Tabla 2

Nombre del Gen	Sincitios # 1 (N) [¶]	Sincitios # 2 (N)	Sin sincitios	Raíces de control
45174942 [§]	311 ± 54(4)	194 ± 46(5)	no detectado	no detectadas

Ejemplo 2. Generación de raíces de soja transgénica y bioensayo con nemátodos

Este método de ejemplo emplea vectores binarios que contienen el gen objetivo 45174942. El vector se compone de un fragmento de sentido (SEQ ID NO: 2) y el gen objetivo 45174942, un espaciador, un fragmento antisentido del gen objetivo y una columna vertebral de vector. El fragmento de gen objetivo (SEQ ID NO: 2) correspondiente a los nucleótidos 556 a 784 de la SEQ ID NO: 1 se utilizó para construir los vectores binarios RCB564, RCB573 y RCB582. En estos vectores, el ARN bicatenario para el gen objetivo tipo OPR3 se expresó bajo un promotor preferido de sincitios o de la raíz, un promotor de TPP (SEQ ID NO: 4) en RCB564, un promotor de A. thaliana del locus At5g12170 (SEQ ID NO: 5), en un promotor RCB573 o tipo MtN3 (SEQ ID NO: 6) en RCB582. Estos promotores dirigen la expresión del transgén preferentemente en las raíces y / o en los sincitios o células gigantes. El marcador de selección para la transformación era la forma mutada del gen de selección de la acetohidroxi ácido sintasa (AHAS) (también denominado como AHAS2) de Arabidopsis thaliana (Sathasivan et al., Plant Phys. 97: 1044 - 50, 1991), que confiere resistencia al herbicida ARSENAL (Imazapyr, BASF Corporation, Mount Olive, Nueva Jersey). La expresión de AHAS2 fue impulsada por un promotor de ubiquitina del perejil (WO 03/102198).

Ejemplo 3. Ensayos de explantes enraizados

El ensayo del explante enraizado fue empleado para demostrar la expresión de ARN bicatenario y la resistencia resultante a los nemátodos. Este ensayo puede ser encontrado en la solicitud en trámite 12/001.234, cuyos contenidos se incorporan aquí como referencia.

Se esterilizó la superficie de semillas de soja limpias de la variedad cultivada y se germinaron. Tres días antes de la inoculación, se inició un cultivo líquido durante la noche del cultivo desactivado de Agrobacterium, por ejemplo, la cepa desactivada de A. rhizogenes K599 que contiene al vector binario RCB564, RCB573 o RCB582. Al siguiente día, se esparció el cultivo sobre una placa de agar LB que contenía kanamicina como un agente de selección. Las placas se incubaron a 28° C durante dos días. Se preparó una placa por cada 50 explantes a ser inoculados. Se utilizaron los cotiledones que contienen el extremo próximo de su conexión con las plántulas como el explante para la transformación. Después de retirar los cotiledones se raspó la superficie con un bisturí alrededor del sitio de corte. El cotiledón cortado y raspado fue el objetivo para la inoculación de Agrobacterium. Los explantes preparados se sumergieron en las colonias desactivadas gruesas de A. rhizogenes preparadas anteriormente de modo que las colonias eran visibles sobre la superficie cortada y raspada. Los explantes fueron luego colocados en agar al 1% en placas de Petri para el co-cultivo bajo la luz durante 6 - 8 días.

Después de la transformación y el co-cultivo, los explantes de soja se transfirieron a medio de inducción del enraizamiento con un agente de selección, por ejemplo S-B5-708 para el gen de la acetohidroxi ácido sintasa mutada (AHAS) (Sathasivan et al., Plant Phys. 97: 1044 - 50, 1991). Los cultivos se mantuvieron en la misma condición que en la etapa de co-cultivo. El medio S-B5-708 se compone de: sales B5 0,5X, MES 3 mM, sacarosa al 2%, vitaminas B5 1X, 400 µg/ml de Timentina, agar Noble al 0,8%, e Imazapyr 1 mM (agente de selección para el gen de AHAS) (BASF Corporation, Florham Park, NJ) a pH 5,8.

Dos a tres semanas después de la selección e inducción de la raíz, se formaron las raíces transformadas sobre los extremos cortados de los explantes. Se transfirieron los explantes al mismo medio de selección (medio S-B5-708) para selección adicional. Las raíces transgénicas proliferaron bien en el lapso de una semana en el medio y estaban listas para ser sub-cultivadas.

Se cortaron las raíces de soja blancas y fuertes de los explantes enraizados y se las cultivó en un medio de crecimiento para las raíces suplementado con 200 mg/l de Timentina (medio S-MS-606) en placas de seis pozos. Los cultivos se mantuvieron a temperatura ambiente a oscuras. El medio S-MS-606 contiene: sales MS 0,2X y vitaminas B5, sacarosa al 2%, y 200 mg/l de Timentina a pH 5,8.

De uno a cinco días después del subcultivo, las raíces fueron inoculadas con nemátodos juveniles esterilizados de superficie en placas de múltiples pozos para el gen de interés. Como control, se utilizaron raíces del vector de

control de Jack y el vector de control Williams 82 de la variedad de cultivo de soja. Los cultivos de raíces de cada línea que ocupaban al menos la mitad del pozo fueron inoculados con la raza 3 descontaminada en la superficie del nemátodo juvenil de segunda etapa (J2) del quiste de soja (SCN) a nivel de 500 J2/pozo. Se sellaron luego las placas y se las volvió a colocar en la incubadora a 25 ° C en la oscuridad. Se generaron varias líneas de raíces independientes a partir de cada transformación del vector binario y se utilizaron las líneas para el bioensayo. Cuatro semanas después de la inoculación del nemátodo, se contaron los quistes en cada pozo. Para cada línea transformada, el número promedio de quistes por línea, el índice femenino y los valores de error estándar se determinaron a través de varios pozos replicados (índice femenino = número promedio de quistes del SCN que se desarrollan sobre las raíces transgénicas expresado como el porcentaje del número promedio de quistes que se desarrollan sobre las raíces de control susceptibles de tipo silvestres W82). Múltiples experimentos independientes, biológicamente replicados, se realizaron para cada constructo de expresión. Los cultivos de explantes enraizados transformados con los constructos RCB564 RCB573 y RCB582 exhibieron una tendencia general de un número reducido de quistes y un índice femenino en relación con la variedad susceptible conocida, Williams 82.

Ejemplo 4. PCR RACE para la región de codificación 45174942 de longitud completa del clon

Se aisló una secuencia de longitud completa de la transcripción con 100% de homología con el clon de ADNc parcial 45174942 (SEQ ID NO: 1) utilizando el kit de GeneRacer (L1502-01) de Invitrogen siguiendo las instrucciones del fabricante. Se preparó el ARN total de las raíces de soja recolectado 6 días después de la infección con SCN de acuerdo con el protocolo del kit GeneRacer de Invitrogen. Se transcribió en forma inversa el ARN preparado de acuerdo con el protocolo del kit GeneRacer y se lo utilizó como el molde de la biblioteca de RACE para la PCR para aislar los extremos del ADNc 5' utilizando las reacciones PCR primarias y secundarias (anidadas) según el protocolo del kit GeneRacer. Las reacciones PCR anidadas se llevaron a cabo de acuerdo con las instrucciones del fabricante para obtener el producto de amplificación deseado.

Los productos específicos de la reacción PCR secundaria fueron separados por medio de electroforesis en gel. Los fragmentos fueron purificados a partir del gel de agarosa y clonados en vectores pCR4-TOPO (Invitrogen) siguiendo las instrucciones del fabricante. Las colonias resultantes fueron sometidas a miniprep y secuenciadas. Uno de los fragmentos de longitud completa descritos como la SEQ ID NO: 29 (ADN tipo GmOPR3 de longitud completa) tenía 100% de identidad con la región de superposición de la SEQ ID NO: 1 (secuencia de ADN 45174942). La alineación entre las proteínas codificadas por la secuencia tipo GmOPR3 de Glycine de longitud completa y los genes tipo OPR3 de otras especies de plantas se muestra en las Figuras 2a - 2c.

Aquellos capacitados en el arte reconocerán, o serán capaces de determinar usando únicamente experimentación rutinaria, muchos equivalentes para las realizaciones específicas de la invención aquí descrita. Se pretende que tales equivalentes estén abarcados por las reivindicaciones que se presentan más adelante.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> BASF Plant Science GmbH

Wiig, Aaron

<120> Composiciones y Métodos que Utilizan ARN de Interferencia del tipo OPR3

<130> PF 58862

<160> 30

<170> PatentIn versión 3.4

<210> 1

<211> 1410

<212> ADN

<213> Glycine max

<400> 1

```

cagataa1ctc aattagctta ttttctccat acaacaagat gggcaaattc aacctctctc      60
atagggtggt attggctccc atgaccagat gcagagcgct caatgggact ccactggcag      120
cacatgctga atactacgct cagagatcaa caccgggtgg atttctcatc actgaaggca      180
ccttgatctc tccaacttct tctgggtttc ctcatgttcc tggaatatac tcagatgaac      240
aggtagaggc atggagaaat gtagtggacg ccgtgcatgc caacggcagc tttatcttct      300
gtcaactctg gcatgttggc cgtgcatcac atccagtgtg tcagcctggt ggggctctac      360
cctcttcgtc caccagcaaa cccatatcag acaagtggaa aattctcatg cccgatggct      420
cccatggcat ctatccagag cctcgtgcac ttaccacttc tgagatatct gaaatagtgc      480
atcattatcg ccaagcagct attaatgcaa ttcgagcagg ttttgatgga atcgagattc      540
atggagcaca tgggtatctc attgatcaat tcttaaagga tgcaatcaat gatagaacag      600
atgaatacgg tggaccacta gaaaaccggt gcaggttctt aatggaggta gttgaagctg      660
ttgtctctgc cattggagcg gaaagagttg ctatcagaat ttcaccagca attgatttca      720
atgacgcctt tgactctgac ccacttgggc taggccttagc agtgattgaa agactcaaca      780
at ttgcagaa acaagtgggc acaaaactcg cttatcttca tgttactcag cctcgattca      840
cacttttggc gcaaaccgag tcagtgaagtg aaaaggagga agctcatttc atgcagaaat      900
ggagagaggc ttatgaggga acattcatgt gtagtggagc ttttactagg gactcaggaa      960
tggaagctgt agctgaaggc catgctgatt tgggtatccta tggtcgtctt ttcattctca      1020
atccagactt ggttttaagg cttaagctca atgcacctct taccaagtat aacaggaaca      1080
cattttacac ccaagatcct gttataggct acacagatta tcctttcttt aatggaacaa      1140
ctgagacaaa attaagtaac tagctaaggc catgcatgcc ctttaatttt aatctccata      1200
tggctttttg aataataatg ttcataacat tcaaaactct tcagttgagt ttatcctcag      1260
acaaacaaat taagtggttc attcacttgt tagggtat tt agatcttagg ttaattagtc      1320
tccggcattt tgatttcatt tcaatttgta ttcagtcctt cattttgaat aaaataatat      1380
taagtttttt gccttaaaaa aaaaaaaaaa      1410

```

<210> 2

<211> 229

<212> ADN

5 <213> Glycine max

<400> 2

```

atctcattga tcaattctta aaggatgcaa tcaatgatag aacagatgaa tacgggtggac      60
cactagaaaa ccggtgcagg ttcttaatgg aggtagtgtg agctgttgct tctgccattg      120
gagcggaaag agttgctatc agaatttcac cagcaattga tttcaatgac gcctttgact      180
ctgaccact tgggctaggc ttagcagtga ttgaaagact caacaattt      229

```

<210> 3

<211> 386

<212> PRT

<213> Glycine max

5 <400> 3

```

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

```

ES 2 383 716 T3

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

<210> 4

<211> 1999

<212> ADN

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 4

gtagtgccct	tcatggatac	caaaagagaa	aatttgattt	agtgcataca	tataacaata	60
taacgccgca	taataatact	gtataaaaaca	gtcatgtaac	gatatgacag	cagtaataca	120
gttccaagag	acgttataat	cgtatgcaat	catatgcttg	cgtagatttt	ccaacagttt	180
tgtttcgttg	ataggaggaa	ctcaacactc	tagggtagtg	attggtagac	actattagca	240
caaaaaatat	taattttact	ctgatgttta	ccaaaaaagt	taccaatcaa	atattttaaga	300
gatcgtactc	ttccacggcg	actctaataa	ccaaagatat	aggttagact	cataactact	360
ttataaagaa	aatgtttaac	gataactacc	gagatcta	aaataaacct	tcattttcaa	420
gtatattata	tttgcttctt	ttgtttatat	atcaaacc	gttctgggtt	ataaaaatat	480
tagataaaac	tcgtctaaat	aggtaggtgt	aaaataaaat	tttaaatttt	tatcgataat	540
atttaaaatt	tgaaaagtta	ataatgatcc	acacattttt	tctaataatt	aatttagtaa	600
tttttgtatt	aaataaaatt	tcaatcatat	acattcgatt	tttctataca	ttttaactat	660
ctattttctgc	ataataaact	gtattttcat	tttatacgct	tcattcttatg	gatgatattt	720
aaatttttaa	tagtaattca	tacacttttt	aatattttaat	ttagtatttt	cttaaattcca	780
aatttttaac	ttacaattta	aatatctact	ttaacataat	acaaatacaa	tttaatttca	840
ttgtattaaa	ttcaaata	atttgattat	aataaaatac	aatttaattc	taaaaagtcc	900
atcttagatt	ttaattttcc	tttttagttt	tgaaaattaa	aaattttaaat	ttattagata	960
tatatgttac	tttttcagtt	ttcctattta	tttaagaaaa	aaatattttt	taacacatgt	1020
caacttgtaa	acaatagact	gaacacgtca	ttttatatta	tgtttagttt	tgaaaattaa	1080
agttaattaa	atattttatat	ttcttttttt	tagcttttct	aattattttt	aaaatagtaa	1140
atatttttaa	tacaaatcaa	tatctgaaca	atagatttga	tacataacat	aatcctataa	1200
attattaact	tggaacacga	tagttttatat	aataaaatta	ttttcttaag	ttctctaacc	1260
ataacaatta	aactatattt	tagcgaagaa	aagaagagaa	taccgagaga	acgcaacttg	1320
cactaaaagc	taccactttg	gcaaatcact	cattttatatt	attatatact	atcacctcaa	1380
ttcaatcgaa	acctcaaaat	aacactaata	tatacacaaa	gaaacaacag	aataacaccg	1440
aagaatatag	gtttaggaaa	atccagaatt	tgttgagact	aaagagatca	aattttcgat	1500
acaagggttt	gctcaatttg	tattttcata	ataaaattct	ttatttcacc	atagacttac	1560
atgattagtt	tttcttttaa	taaaaaaaaa	cacgcgacat	gaaaattata	ttatctcagt	1620
gttgtcgaat	ttgaatttga	attttgagtt	aaatactaca	catttggtga	caacttatta	1680
aactttacaa	gtctgctaca	aatattgtca	aatattttact	aattaatgga	ccaaaatcct	1740
ctaacttgca	aatttgtatc	tacatcaact	taaaaattag	gaatatgcga	ccccaaaaaa	1800
aaaaaactag	gaataataat	aaaaaaatgg	aatgatgtgg	aggaagctct	ttactctttg	1860
agaggaagtt	tataaattga	ccacacattt	agtctattat	catcacatgt	attaagactt	1920
gacaacttgt	ctttctcaca	ccaaaccctt	ctcctctggt	tcataacatc	tgctctttct	1980
tttttttcct	aagccccta					1999

<210> 5

<211> 1476

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

5 <400> 5

```

gctcgcgtta gttccactca aggagtatcc tttcttcctt gcgcaactct ccaccttcgg      60
gtaaagtacc atctctagca tcttgagtct tgatcaactt ctgttttgct tactctcaaa      120
atgcattaat ttttttttat actagatcat agtattatat ctcttaatct acctattgaa      180

atctacttaa tgtttttact aaaacctacg tgtttctctt tagagaatth tgtgctatgc      240
atgaattaga ggtagtaat gtgtaatact tcataagtct agatttattt gttgggtaac      300
acgttttagta attcacacac acacaccacc ttagatatth tactgtgaat tagaaaaaga      360
tacatagtta ggagtgtttt tttaaaaaaa ttcaatcatg agaaaattag aggtgtgatg      420
ttatacatta tgaaaatgca aagggcagat acgaataaat tagaaacttg tttaacgggt      480
cagagttggc ttctagtctc tttcgacttg gatacttctt cttctacaat tgggacatta      540
ttgtaggcgc attatatcat ttctctacat gcaatgaatg tacatacatt aattcacatt      600
tatttttgga ataatcatat gagtgatcga agtttgtatt tatatattca atcttcacaa      660
actactttta tttaaaaatc atttgcaaaa tgctattttta ttgacaaaaa gatatatgct      720
ataaaataaa ataaaattca caaactatag tcattaatac aaaaagaaat cattgaatat      780
ggtagagggg aaacaaaaaa aaaacacgac gatgtaagtt ggtggaacca cattatcaaa      840
ataaaagaag gtggtggaac caaattgaat aaagtccgtc catatcatta tccgtccctt      900
aggagcctct aattagtaat attcttatgg gtccactgtg gcttagagga cttgattaaa      960
accattctta tttagtgtca actttgtgag gggttgaata acgaaccaag ctgattcaaa     1020
ccattccaaa acaaagtgtg cacatatthc aaaaccaaag tttaccggac agagaaatat     1080
ggtgtgtttt tctcaaacca agctaaatgg aatccattgt aaaccaaath gttcacacct     1140
acctattctt ttggagtccc ttttccatgt gtttgctgtc tgctagtcaa gtttcattag     1200
ctgattgcct tgcatacatat tcttgatca actttttttt tttttttttt tggggtaatt     1260
aacaaaatgc ttaaatttct caagactata ggatcacatt acctgtgtgc ttaacataac     1320
ttttagatag gctagagaat tgatctatta caagataatc aataatttac agaagaaaac     1380
attctttttt ttgttctatt tccttcatgt aggtatgtag ctgtatatta tactatcttg     1440
tattttcgat atcgtgctgg aactgtcaca gatgca                                1476

```

<210> 6

<211> 609

<212> ADN

<213> Glycine max

<400> 6

gaagccacgt catgaagagt atatcatttc agtaatgttt tgagacgcct ctataatgct	60
ttaccaacaa aacaaaacaa aaaaaagaac atttgaaacc atttgtatta aaaaaaaaaa	120
gggtatattag gccataatat tataggtaac atgaaatatc aaatgacacg caagagtttt	180
gtcaaaaatg aaaccatcac acatcagaga ttatggcaaa taatgttttg tgtgtctctt	240
gcttcaccca taacataagc ctctataact ggagagaaga aaaaaaaaaag tggaggggct	300
aggggtgggaa tttggaagaa tacagttata ttgagcattg agcaagttga tagaaagctt	360
ctcaattttgt acaaaatttg catccacatg attattaaag acgtagacag cacttctttc	420
ttcttttttt ctataagttt cttatatatt gttcttcatg ttttaatat attactttat	480
gtacgcgtct aacagtagtc ctcccaaact gctataaata gagcctcttc aacgcacctc	540
ttggcagtac aaaaattatt catctcttct aagttctaata tttctaagca ttcagtaaaa	600
5 gaactaacc	609

<210> 7

<211> 1191

<212> ADN

<213> Lycopersicon esculentum

10 <400> 7

```

atggcgctctt cagctcaaga tggaacaat ccccttttct ctccttaca gatgggcaag      60
ttcaatctat cccacagggg agtattggct ccgatgacaa ggtgcagagc actgaataat      120
attccacagg cggcgctagg ggagtattac gagcagagag cgacggccgg tggatttctg      180
atcactgaag gcactatgat ttctccgact tcagctgggt ttcctcatgt gccagggatt      240
ttcacaaggg aacaagtaag ggaatggaag aaaatagttg atgtagtgca tgcaaagggg      300
gctgtcatat tttgtcagct gtggcatgtt ggtcgtgcat ctcattgaagt gtatcaacct      360
gctggagctg caccaatatc atccactgag aagcctatat caaatagggtg gagaattcta      420
atgcctgatg gaactcatgg gatttatcca aaaccaagag caattggaac ctatgagatc      480
tcacaagttg ttgaagatta tcgcaggtcg gccttgaatg ctattgaagc aggtttcgat      540
ggatttgaaa tccatggagc tcacgggttac ttgattgatc aattcttgaa agatgggagc      600
aatgaccgga cagatgagta tggtggatca ctagccaacc ggtgcaaatt catcacacag      660
gtggttcaag cagtagtctc agcaatagga gctgatcgcg taggcgttag agtttcacca      720
gcaatagatc atcttgatgc catggactct aatccactca gccttggctt agcagttggt      780
gaaagactaa acaaaatcca actccattct ggttccaagc ttgcctatct tcatgtaaca      840
cagccacgat acgtagcata tgggcaaact gaagcaggca gacttggcag tgaagaggaa      900
gaggctcggt taatgaggac tttgaggaac gcgtatcagg ggacattcat ttgcagtggg      960
ggatacacta gggaactagg aattgaggct gtggcacaag gtgatgctga tctcgtgtca     1020
tatggtcgtc ttttcatctc taatcctgat ttggttatga gaatcaagct aaatgcacct     1080
ctaaataagt ataacaggaa gacattctat actcaagatc cagttgtggg atacacagat     1140
taccctttcc ttcaaggaaa tggaagcaat ggaccgttat cgcgtctgtg a              1191

```

<210> 8

<211> 396

<212> PRT

5 <213> Lycopersicon esculentum

<400> 8

```

Met Ala Ser Ser Ala Gln Asp Gly Asn Asn Pro Leu Phe Ser Pro Tyr
 1          5          10          15

Lys Met Gly Lys Phe Asn Leu Ser His Arg Val Val Leu Ala Pro Met
    20          25          30

Thr Arg Cys Arg Ala Leu Asn Asn Ile Pro Gln Ala Ala Leu Gly Glu

```

ES 2 383 716 T3

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

ES 2 383 716 T3

Gly Tyr Thr Arg Glu Leu Gly Ile Glu Ala Val Ala Gln Gly Asp Ala
325 330 335

Asp Leu Val Ser Tyr Gly Arg Leu Phe Ile Ser Asn Pro Asp Leu Val
340 345 350

Met Arg Ile Lys Leu Asn Ala Pro Leu Asn Lys Tyr Asn Arg Lys Thr
355 360 365

Phe Tyr Thr Gln Asp Pro Val Val Gly Tyr Thr Asp Tyr Pro Phe Leu
370 375 380

Gln Gly Asn Gly Ser Asn Gly Pro Leu Ser Arg Leu
385 390 395

<210> 9

<211> 1176

5 <212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 9

atgacggcgg cacaagggaa ctctaacgag actctgtttt cttcttataa gatgggaaga	60
ttcgatctct ctcatcgagt ggttctggcg cccgatgacgc ggtgcagggc gttgaacgga	120
gtaccaaacg cggcggttggc agagtattat gctcaacgga ccaactcccgg cggttttctc	180
atctccgaag gcaccatggt ctctcccga tccgcagggg tcccacatgt gcctggaatc	240
tattcagatg aacaagtaga agcatggaag caagttgtgg aagcagttca cgctaaggga	300
ggtttcatct tttgtcaatt atggcatggt ggacgtgctt ctcatgcagt gtatcaacct	360
aatggaggat caccaatatc gtcaacgaac aaaccaatct cggaaaacag gtggcgagtt	420
ttgttgcccg atggttccca cgtgaagtac ccgaaacctc gggctttaga agcttccgag	480
atacctcggg tgggtggagga ttattgcctt tctgctttga atgcgattcg agctggtttc	540
gatgggattg agatccacgg ggcgcagtgt taccttattg atcagttttt gaaagatggg	600
atcaatgacc gtactgacca atacggagga tccattgcaa accgtttag attcttgaaa	660
caagtagtgg aaggtgtagt ttcagccata ggagctagta aagttggtgt gagggatatct	720
ccggctatag atcacttgga cgcaactgat tctgaccac tatcactcgg gctagccgtg	780
gttggcatgc tcaataagtt acaaggtggt aatggctcaa agctcgctta cttcacgtt	840
acacaacctc gctaccacgc ctacgggcaa acagagtctg gaaggcaagg gagtgatgag	900
gaagaagcta agctaataa gagcttgagg atggcttata atggaacctt tatgtctagt	960
ggaggattca ataaggaact aggtatgcaa gctgttcaac aaggtgatgc tgatttggtt	1020
tcatatggca gactgtttat cgcaaaccg gatttggttt cgcggttcaa gattgatgga	1080
gagttgaata aatataatcg gaagacgttt tacactcaag atccagttgt tggctacacg	1140
gattatcctt tcttggtcc tttttccgc ctctga	1176

<210> 10

<211> 391

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 10

ES 2 383 716 T3

Met Thr Ala Ala Gln Gly Asn Ser Asn Glu Thr Leu Phe Ser Ser Tyr
1 5 10 15

Lys Met Gly Arg Phe Asp Leu Ser His Arg Val Val Leu Ala Pro Met
20 25 30

Thr Arg Cys Arg Ala Leu Asn Gly Val Pro Asn Ala Ala Leu Ala Glu
35 40 45

Tyr Tyr Ala Gln Arg Thr Thr Pro Gly Gly Phe Leu Ile Ser Glu Gly
50 55 60

Thr Met Val Ser Pro Gly Ser Ala Gly Phe Pro His Val Pro Gly Ile
65 70 75 80

Tyr Ser Asp Glu Gln Val Glu Ala Trp Lys Gln Val Val Glu Ala Val
85 90 95

His Ala Lys Gly Gly Phe Ile Phe Cys Gln Leu Trp His Val Gly Arg
100 105 110

Ala Ser His Ala Val Tyr Gln Pro Asn Gly Gly Ser Pro Ile Ser Ser
115 120 125

Thr Asn Lys Pro Ile Ser Glu Asn Arg Trp Arg Val Leu Leu Pro Asp
130 135 140

Gly Ser His Val Lys Tyr Pro Lys Pro Arg Ala Leu Glu Ala Ser Glu
145 150 155 160

Ile Pro Arg Val Val Glu Asp Tyr Cys Leu Ser Ala Leu Asn Ala Ile
165 170 175

Arg Ala Gly Phe Asp Gly Ile Glu Ile His Gly Ala His Gly Tyr Leu
180 185 190

Ile Asp Gln Phe Leu Lys Asp Gly Ile Asn Asp Arg Thr Asp Gln Tyr
195 200 205

Gly Gly Ser Ile Ala Asn Arg Cys Arg Phe Leu Lys Gln Val Val Glu
210 215 220

Gly Val Val Ser Ala Ile Gly Ala Ser Lys Val Gly Val Arg Val Ser
225 230 235 240

Pro Ala Ile Asp His Leu Asp Ala Thr Asp Ser Asp Pro Leu Ser Leu
245 250 255

ES 2 383 716 T3

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

<210> 11

<211> 1200

<212> ADN

5 <213> Hevea brasiliensis

<400> 11

ES 2 383 716 T3

atggctgaaa	ctggaacaga	agggaccggg	atcaccaccc	tatcttctcc	ttacaaaatg	60
ggcaagttca	gcctctccca	caggggtggtg	ctggctccca	tgactagatg	cagagcggtg	120
aacgggatac	caaacgcagc	gctggtggat	tactacacgc	agagatcaac	tcccggcgga	180
tttctcatca	cggaaggcac	tctgggtttcc	cctactgccc	ctgggtttcc	tcatgtccct	240
ggaatttata	cagaagaaca	agcggaggca	tggaagaggg	tggtggatgc	agttcatgcc	300
aaagggagca	tcatattctg	tcaattatgg	catgttggcc	gcgcatctca	tcagggtttat	360
caacctaata	gagctgcacc	aatatcatcg	acgggcaagg	ccatctcaaa	cagatggaga	420
attctcatgc	cagatggatc	atatgggaaa	taccaaacac	ctaggccctt	ggaaacacct	480
gaaatactag	aggtagtga	gaattatcgc	cagtcagcct	tgaatgccat	tcgagcaggc	540
tttgatggaa	ttgaggtcca	cggggctcat	ggttacctta	ttgatcaatt	cttaaaagac	600
gggatcaatg	accgaacaga	tgagtatggt	ggatcaatca	acaatcgatg	cagattccta	660
atgcaggtga	ttcaggcagt	agttgcagct	attggtgctg	atcgagttgg	tttcagaatg	720
tcaccggcaa	ttgatcacct	agatgccata	gattctgata	cgctcaactt	gggtcttgct	780
gtaatcgaga	gacttaacaa	acttcagttg	aaccttggat	caaaactcac	ttatctccat	840
gtcactcagc	ctcgctacac	agcttatggc	caaacagaat	caggcagaca	tggtactgaa	900
gaagaggaag	ctagattaat	gagaacttgg	agaagggtct	ataagggaac	tttcatctgt	960
agcgggtgggt	tcacgaggga	gctaggaatg	gaagctatag	ctcaagatga	tgcagatttg	1020
gtatcttatg	gccgactttt	tatttcaaac	ccagacttag	tcttgagatt	taagctcaat	1080
gcgcccttga	ataagtatgt	caggaaaaca	ttctacaccc	aagatcctgt	tggtgggtac	1140
acagactacc	cattttttcag	aaaagtagac	gggagccagg	agccacgata	acgcctttga	1200

<210> 12

<211> 399

5 <212> PRT

<213> Hevea brasiliensis

<400> 12

ES 2 383 716 T3

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

ES 2 383 716 T3

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

<210> 13

<211> 1185

<212> ADN

5 <213> Oryza sativa

<400> 13

ES 2 383 716 T3

```

atggatcggc cgccgccgga tcagcagcgg cagaagcagg cgccgctctt ctgcgcgtac    60
cagatgcccc gcttccgcct caaccaccgg gtggtgctgg cgccgatgac gcggtgcagg    120
gcgatcggcg gggtgcccgg cccggcgctg gcggagtact acgctcagcg gaccaccag    180
ggtggcctgc tcatctccga gggcaccgtc gtctcgcccg ctggcccggg gtttcctcat    240
gtccctggga tatacaatca agagcagact gatgcatgga agaaggtggt ggatgctgtt    300

catgccaagg gaggcattctt tttctgccag ttatggcatg taggcagagc ttctcaccaa    360
gtataccagc caaacggtgc tgcaccaata tcctcaactg ataagccaat atcagcaaga    420
tggaagaatac tgatgcctga tggctcctat ggcaagtatc ctaaacctag gcgcctggca    480
gcatcggaata tacctgaaat tgtcgaacaa tatcgtcaag ccgccattaa tgccattgaa    540
gcaggttttg atggcattga gatccatggt gctcatggct atatcattga tcaattccta    600
aaggatggaa tcaatgaccg cactgacgag tatggtggct cactttcaa cgcctgccgg    660
ttcctacttg aggttaactag ggctgtggtt tctgccattg gagcagaccg agtcgcggtg    720
aggatatcac cagccattga tcaccttgac gcctatgatt cagaccccat taagctcggc    780
atggccgttg ttgagcggct gaatgctctc cagcagcagt cagggcggct cgcctacctc    840
cacgtcacgc agccacggta caccgcctac gggcagaccg agtctgggca gcatggcagt    900
gccgaggagg agagccgcct gatgcgcacc ctccggggca cgtaccaggg cacattcatg    960
tgcatggtcg gctacacgcg ggagcttggg ttggaagcag tggagagcgg cgatgccgac   1020
ctggtgtcgt acggggcggct cttcatatca aaccgggacc tggtcgagcg gttcaggctg   1080
aacgccgggc tgaacaagta cgtgcgcaag acattctaca cgcccgatcc tgtcgtgggt   1140
tacacggact atccgttcct cggacagcct aagtcgcgga tgtaa                       1185

```

<210> 14

<211> 394

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 14

ES 2 383 716 T3

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

ES 2 383 716 T3

Pro Ile Ser Ser Thr Asp Lys Pro Ile Ser Ala Arg Trp Arg Ile Leu
 130 135 140
 Met Pro Asp Gly Ser Tyr Gly Lys Tyr Pro Lys Pro Arg Arg Leu Ala
 145 150 155 160
 Ala Ser Glu Ile Pro Glu Ile Val Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Ala Ile
 165 170 175
 Asn Ala Ile Glu Ala Gly Phe Asp Gly Ile Glu Ile His Gly Ala His
 180 185 190
 Gly Tyr Ile Ile Asp Gln Phe Leu Lys Asp Gly Ile Asn Asp Arg Thr
 195 200 205
 Asp Glu Tyr Gly Gly Ser Leu Ser Asn Arg Cys Arg Phe Leu Leu Glu
 210 215 220
 Val Thr Arg Ala Val Val Ser Ala Ile Gly Ala Asp Arg Val Ala Val
 225 230 235 240
 Arg Ile Ser Pro Ala Ile Asp His Leu Asp Ala Tyr Asp Ser Asp Pro
 245 250 255
 Ile Lys Leu Gly Met Ala Val Val Glu Arg Leu Asn Ala Leu Gln Gln
 260 265 270
 Gln Ser Gly Arg Leu Ala Tyr Leu His Val Thr Gln Pro Arg Tyr Thr
 275 280 285
 Ala Tyr Gly Gln Thr Glu Ser Gly Gln His Gly Ser Ala Glu Glu Glu
 290 295 300
 Ser Arg Leu Met Arg Thr Leu Arg Gly Thr Tyr Gln Gly Thr Phe Met
 305 310 315 320
 Cys Ser Gly Gly Tyr Thr Arg Glu Leu Gly Leu Glu Ala Val Glu Ser
 325 330 335
 Gly Asp Ala Asp Leu Val Ser Tyr Gly Arg Leu Phe Ile Ser Asn Pro
 340 345 350
 Asp Leu Val Glu Arg Phe Arg Leu Asn Ala Gly Leu Asn Lys Tyr Val
 355 360 365
 Arg Lys Thr Phe Tyr Thr Pro Asp Pro Val Val Gly Tyr Thr Asp Tyr
 370 375 380
 Pro Phe Leu Gly Gln Pro Lys Ser Arg Met
 385 390

<210> 15

<211> 1200

<212> ADN

<213> Zea mays

5 <400> 15

atggcctcca	cggatcgctc	cacgccggcg	gaggacgagc	aacagcagaa	gcgcccgtct	60
ctcttctcgc	cgtaccagat	gccccgcttc	cgcctcgccc	accgggtggt	gctggcgccg	120
atgaccaggt	gcagggcgcc	cgacgcggtc	ccaggccccg	cgctcgcgga	gtactacgcg	180
cagcgggtcca	cggacggcgg	cttgctcatc	tccgagggca	ccatcatctc	gccgtccggc	240
cctgggttcc	ctcgtgtccc	tgggatatac	aatcaagaac	agactgatgc	atggagaaag	300
gtggttgatg	ctgttcatgc	caaggagact	atctttttct	gccaactatg	gcatgtaggc	360
cgagcttctc	accaagtata	tcagccgggt	gctgctgctc	cgatatcctc	aactgataag	420
ccaatatcat	caagatggag	gatactgatg	cccgatggat	cctatggcaa	gtatccaact	480
ccgaggcgcc	tagccacatc	cgagatacca	gaaattgttg	agcaataccg	tcaagcagcc	540
gtaaacgcc	tcaaagcagg	tttcgatggc	atcgagatcc	atggcgccca	tggctacctc	600
atcgatcagt	tcctcaagg	cggtatcaac	gaccggactg	acgagtacgg	tggctcactc	660
tccaaccgtt	gccggttcct	cctggagggtg	acccgagccg	tgggtctctgc	gataggggca	720
gaccgcgtcg	cgggtccgagt	gtccccggcc	atcgaccatc	tcgacgccta	cgactccaac	780
cccctgcagc	tcggcctggc	cgtggtggag	cgtctcaacg	ctctccagca	ggaggccggg	840
cggctggcct	acctccacgt	gacgcagcca	cggtagacgg	cgtacgggca	gacagagtct	900
ggccagcacg	ggagtgccga	ggaggagagc	cggctgatgc	gtgccgtgcg	aggtgcctac	960
cgtggcacgt	tcattgtgcag	cgggtgggtac	acgcgggagc	tcgggggtcga	ggccatcgag	1020
tccggggacg	ctgacctggt	gtcctacggg	cggctgttca	tcgctaatacc	cgacctgggtg	1080
gagcggtttc	ggcgcgacgc	cccgtgaac	aaatacgtgc	gcaagacgtt	ctacacgccg	1140
gaccccgctc	tcggttacac	ggactacaca	ttcctcggcc	agcctaaggc	acgcatgtga	1200

<210> 16

<211> 399

<212> PRT

10 <213> Zea mays

<400> 16

ES 2 383 716 T3

Met Ala Ser Thr Asp Arg Ser Thr Pro Ala Glu Asp Glu Gln Gln Gln
1 5 10 15

Lys Arg Pro Ser Leu Phe Ser Pro Tyr Gln Met Pro Arg Phe Arg Leu
20 25 30

Ala His Arg Val Val Leu Ala Pro Met Thr Arg Cys Arg Ala Pro Asp
35 40 45

Ala Val Pro Gly Pro Ala Leu Ala Glu Tyr Tyr Ala Gln Arg Ser Thr
50 55 60

ES 2 383 716 T3

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

Glu Ala Ile Glu Ser Gly Asp Ala Asp Leu Val Ser Tyr Gly Arg Leu
 340 345 350

Phe Ile Ala Asn Pro Asp Leu Val Glu Arg Phe Arg Arg Asp Ala Pro
 355 360 365

Leu Asn Lys Tyr Val Arg Lys Thr Phe Tyr Thr Pro Asp Pro Val Val
 370 375 380

Gly Tyr Thr Asp Tyr Thr Phe Leu Gly Gln Pro Lys Ala Arg Met
 385 390 395

<210> 17

<211> 1200

5 <212> ADN

<213> Zea mays

<400> 17

ES 2 383 716 T3

```

atggcctcca cggatcgctc cgcgccggcg gaggaccagc aacagccgca gcgcccgctc    60
ctcttctcgc cgtaccagat gcccacttct cgcctcgcg c accgggtggt gctggcgccg    120
atgaccaggt gccgggcgcc cgatcgctc ccgggccccg cgctcgcgga gtactacgcg    180
cagcgggtcca cggaaggcgg cttgctcatc tccgagggca ccatcatctc gcccgcggc    240
cctgggttcc ctcgtgtccc tgggatatac aatcaagagc agactgatgc atggaaaaag    300
gtggttgatg ctgttcatgc caaggagacc atcttttctt gccactatg gcatgtaggt    360
cgagcttctc accaagtata tcagccgggt gggtctgctc caatatactc tactgataaa    420
ccaatatcat caagatggag gatactgatg cccgatggat cctatggcaa gtatccaact    480
ccgaggcgcc tagccacatc cgagatacca gaaattgtcg agcaataccg acaggctgcc    540
ataaacgcca tcaaagcagg ttctgatggc atcgagatcc acggtgcca tggctaccta    600
atcgaccagt tcctcaagga cggtatcaac gacagggctg acgagtacgg tggctcactc    660
tccaaccgct gccggttcct cctggagggtg acccgcgccg tggctctcgc gataggggca    720
gaccgggtgg cgggtccgggt gtccccggcc atcgaccacc tcgacgcgta cgactccaac    780
ccgctgcagc tcggcctggc cgtagtggac cgcctcaacg ctctccagga ggagaccggg    840
cggctggcct acctgcacgt gacgcagcca cgggtacacgg cgtaggggca gacggagtcc    900
ggccagcacg ggagcgccga ggaggagagc cggctgatgc gcgccctgcg gggcgccctac    960
cgcggcacgt tcatgtgcag cgggtgggtac acgcgcgagc tcggcggtga ggccgtcgag   1020
tcgtgggacg ccgacctggt gtcctacggg cggctgttca tcgctaaccg ggacctggtg   1080
gagcgggttcc ggcgcgacgc cccgctgaac agatacgtgc gcaagacgtt ctacaccccg   1140
gatccccgtc ttggttacac ggactacccg ttcctcggcc agcctaaggc gcgcatgtga   1200

```

<210> 18

<211> 399

<212> PRT

5 <213> Zea mays

<400> 18

ES 2 383 716 T3

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

Asn Ala Leu Gln Glu Glu Thr Gly Arg Leu Ala Tyr Leu His Val Thr
275 280 285

Gln Pro Arg Tyr Thr Ala Tyr Gly Gln Thr Glu Ser Gly Gln His Gly
290 295 300

Ser Ala Glu Glu Glu Ser Arg Leu Met Arg Ala Leu Arg Gly Ala Tyr
305 310 315 320

Arg Gly Thr Phe Met Cys Ser Gly Gly Tyr Thr Arg Glu Leu Gly Val
325 330 335

Glu Ala Val Glu Ser Trp Asp Ala Asp Leu Val Ser Tyr Gly Arg Leu
340 345 350

Phe Ile Ala Asn Pro Asp Leu Val Glu Arg Phe Arg Arg Asp Ala Pro
355 360 365

Leu Asn Arg Tyr Val Arg Lys Thr Phe Tyr Thr Pro Asp Pro Val Val
370 375 380

Gly Tyr Thr Asp Tyr Pro Phe Leu Gly Gln Pro Lys Ala Arg Met
385 390 395

<210> 19

<211> 762

5 <212> ADN

<213> Arachis hypogaea

<400> 19

ES 2 383 716 T3

atggcagaca	acgagtccag	cagcctgttt	tctgcttaca	agatggcaaa	attcagtctc	60
tcgcacaggg	tggtgttggc	gcccatgacc	aggtgcagag	ccttgaacgg	catcccacgt	120
gccgctcacg	cggagtatta	cgctcagaga	tccacacccg	gtggattcct	catcaccgaa	180
gggactttga	tctctcccac	tgctcctggc	ttccctcatg	tacctggaat	atactctgag	240
gagcaagttg	aggcatggag	aaacgtcgtg	gatgccgtgc	atgccaaagg	cagcttcatc	300
ttctgtcaac	tctggcatgc	tggccgtgca	tctcatcccg	tgtatcagcc	tggggcggcg	360
ccgcccattt	cctccacaaa	caaggctatt	tcctccagat	ggagaattct	cttgccggat	420
cagtcctacg	gcgtgtatcc	agagccccga	ccacttgact	cttctgagat	accacaaata	480
gtggaccact	atcgccagtc	agcgggtcaac	gctatccgag	caggtttcga	tggaattgag	540
attcacggtg	cacacggcta	tctgattgat	caattcttga	aggacgggat	caatgagcga	600
agagatgagt	atggtggatc	catttcaaat	aggtgcaggt	tcttaatgca	ggtagttaaa	660
gcagttgttt	ctgcaattgg	agcagaaaga	gtaggtgtta	gaatctcacc	ggcaatcgac	720
cacctggatg	ccatggactc	cgacccgctt	gcctggggct	ag		762

<210> 20

<211> 250

<212> PRT

5 <213> Arachis hypogaea

<400> 20

Met Ala Asp Asn Glu Ser Ser Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Lys Met Ala
1 5 10 15

Lys Phe Ser Leu Ser His Arg Val Val Leu Ala Pro Met Thr Arg Cys
20 25 30

Arg Ala Leu Asn Gly Ile Pro Arg Ala Ala His Ala Glu Tyr Tyr Ala
35 40 45

Gln Arg Ser Thr Pro Gly Gly Phe Leu Ile Thr Glu Gly Thr Leu Ile
50 55 60

Ser Pro Thr Ala Pro Gly Phe Pro His Val Pro Gly Ile Tyr Ser Glu
65 70 75 80

Glu Gln Val Glu Ala Trp Arg Asn Val Val Asp Ala Val His Ala Lys
85 90 95

Gly Ser Phe Ile Phe Cys Gln Leu Trp His Ala Gly Arg Ala Ser His
100 105 110

Pro Val Tyr Gln Pro Gly Ala Ala Pro Pro Ile Ser Ser Thr Asn Lys
115 120 125

Ala Ile Ser Ser Arg Trp Arg Ile Leu Leu Pro Asp Gln Ser Tyr Gly
130 135 140

Val Tyr Pro Glu Pro Arg Pro Leu Asp Ser Ser Glu Ile Pro Gln Ile
145 150 155 160

Val Asp His Tyr Arg Gln Ser Ala Val Asn Ala Ile Arg Ala Gly Phe
165 170 175

Asp Gly Ile Glu Ile His Gly Ala His Gly Tyr Leu Ile Asp Gln Phe
180 185 190

Leu Lys Asp Gly Ile Asn Glu Arg Arg Asp Glu Tyr Gly Gly Ser Ile
195 200 205

Ser Asn Arg Cys Arg Phe Leu Met Gln Val Val Lys Ala Val Val Ser
210 215 220

Ala Ile Gly Ala Glu Arg Val Gly Val Arg Ile Ser Pro Ala Ile Asp
225 230 235 240

His Leu Asp Ala Met Asp Ser Asp Pro Leu
245 250

<210> 21

<211> 1203

<212> ADN

<213> Solanum tuberosum

<400> 21

atggctaaaa cgacatcgtc ttcagctcaa gatggaagca atccccctctt ctctccttac	60
aagatggcaa agttcaatct atcccacagg atagtattgg ctccgatgac aaggtgcaga	120
gcattgaata atattccttc ggcggcgctg ggggaatatt acgagcagag agcgacggcc	180
ggtggatttc tgatcactga aggcactatg atttctccga cttcagctgg gtttcctcat	240
gtgccaggga ttttcacaaa ggagcaagta gaggaatgga agaaaatagt tgatgtagtg	300
catgcaaagg gtgctgtcat attttgtcag ttgtggcatg ttggtcgtgc atctcatgaa	360
gtgtatcaac ctgctggagc tgcaccaata tcatctactg agaagcctat atcaaagagg	420
tggagaattc tgatgcctga tggaactcat gggatttatc caaaaccaag agcaattgga	480
acctatgaga tctcacaagt ggttgaagat tattgcaggc cggccttgaa tgctattgaa	540
gcagggttttg atggtattga aatccatgga gctcacggtt acttgattga ccaattcttg	600
aaagatggga tcaatgaccg gacagatgag tatggtggat cactagccaa ccggtgcaaa	660
ttcatcacac aggtggttca agcagtcatc tcagcaatag gagctgatcg ttaggcggtt	720
agagtttcac cagcaataga tcatcttgat gccatggact ctaatccact cagcctaggc	780
ttagcagttg ttgaaagact aaacaaaatc caactccatt ctggttccaa gcttgcctat	840
cttcatgtaa cacagccacg atacgtagca tatgggcaaa ccgaagcagg cagacttggc	900
agtgaagagg aggaggcgca tttaatgagg actttgagga acgcatatca ggggacattc	960
atttgcagtg gtggatacac tagggagcta ggaattgagg ctgtggcaca aggtgatgct	1020
gatctcgtgt catatggacg tcttttcatc tctaatactg atttggttat gagaatcaag	1080
ctaaatgcac ctctaaataa gtataacagg aagacattct atactcaaga tccagttgtg	1140
ggatacacag attacccctt ccttcaagga aatggaagca acggaccgtt atcgcgctctg	1200
tga	1203

5 <210> 22

<211> 400

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 22

ES 2 383 716 T3

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

Phe Ser Pro Tyr Lys Met Ala Lys Phe Asn Leu Ser His Arg Ile Val
20 25 30

Leu Ala Pro Met Thr Arg Cys Arg Ala Leu Asn Asn Ile Pro Ser Ala
35 40 45

Ala Leu Gly Glu Tyr Tyr Glu Gln Arg Ala Thr Ala Gly Gly Phe Leu
50 55 60

ES 2 383 716 T3

Ile Thr Glu Gly Thr Met Ile Ser Pro Thr Ser Ala Gly Phe Pro His
65 70 75 80

Val Pro Gly Ile Phe Thr Lys Glu Gln Val Glu Glu Trp Lys Lys Ile
85 90 95

Val Asp Val Val His Ala Lys Gly Ala Val Ile Phe Cys Gln Leu Trp
100 105 110

His Val Gly Arg Ala Ser His Glu Val Tyr Gln Pro Ala Gly Ala Ala
115 120 125

Pro Ile Ser Ser Thr Glu Lys Pro Ile Ser Lys Arg Trp Arg Ile Leu
130 135 140

Met Pro Asp Gly Thr His Gly Ile Tyr Pro Lys Pro Arg Ala Ile Gly
145 150 155 160

Thr Tyr Glu Ile Ser Gln Val Val Glu Asp Tyr Cys Arg Ser Ala Leu
165 170 175

Asn Ala Ile Glu Ala Gly Phe Asp Gly Ile Glu Ile His Gly Ala His
180 185 190

Gly Tyr Leu Ile Asp Gln Phe Leu Lys Asp Gly Ile Asn Asp Arg Thr
195 200 205

Asp Glu Tyr Gly Gly Ser Leu Ala Asn Arg Cys Lys Phe Ile Thr Gln
210 215 220

Val Val Gln Ala Val Ile Ser Ala Ile Gly Ala Asp Arg Val Gly Val
225 230 235 240

Arg Val Ser Pro Ala Ile Asp His Leu Asp Ala Met Asp Ser Asn Pro
245 250 255

Leu Ser Leu Gly Leu Ala Val Val Glu Arg Leu Asn Lys Ile Gln Leu
260 265 270

His Ser Gly Ser Lys Leu Ala Tyr Leu His Val Thr Gln Pro Arg Tyr
275 280 285

Val Ala Tyr Gly Gln Thr Glu Ala Gly Arg Leu Gly Ser Glu Glu Glu
290 295 300

Glu Ala His Leu Met Arg Thr Leu Arg Asn Ala Tyr Gln Gly Thr Phe
305 310 315 320

Ile Cys Ser Gly Gly Tyr Thr Arg Glu Leu Gly Ile Glu Ala Val Ala
325 330 335

ES 2 383 716 T3

Gln Gly Asp Ala Asp Leu Val Ser Tyr Gly Arg Leu Phe Ile Ser Asn
 340 345 350

Pro Asp Leu Val Met Arg Ile Lys Leu Asn Ala Pro Leu Asn Lys Tyr
 355 360 365

Asn Arg Lys Thr Phe Tyr Thr Gln Asp Pro Val Val Gly Tyr Thr Asp
 370 375 380

Tyr Pro Phe Leu Gln Gly Asn Gly Ser Asn Gly Pro Leu Ser Arg Leu
 385 390 395 400

<210> 23

<211> 1191

<212> ADN

5 <213> Prunus persica

<400> 23

```

atggcggagg cttcatctca gggacccact ctcttttctc cgttcaagat gggcaagttc      60
aatctgtctc acaggggtgt gcttgcgccg atgacgaggt gccgagcggt gaacggccttg      120
ccgcagccgg cgctggccga gtactacact caaagggtcaa ccaacggcgg ctttctgata      180
accgaaggca ctttggtctc cgacactggc gccgggtttc cacatgttcc tgggatttac      240
aatgatgaac aggtggaggg atggaagaag gtggtggatg ccgttcacgc caaagggtgcc      300
attattttct gtcaactttg gcatgtaggt cgtgcttctc atgaagttta ccaacctggt      360
gggggttcac caatatcttc aaccgatgtt cccatttcga ggaggtggag aattctatta      420
ccggatgcgt ctcatgccac ttaccctaag cctagacgct tagaaacccc tgaaatcctc      480
caagtgttg agcattatcg acaggctgcc ttgaatgcca ttagagcagg ttttgatgga      540
attgagattc atggggcaca tggctacctc attgatcaat tcttgaaaga tgggatcaat      600
gatcgaacag atgagtatgg cggatcactt gcaaaccggt gcaaattctt gcttcagggtg      660
gttcaagcag tagttggagc cgtaggtgct gatagggttg gtgtcagaat ctcaccagcc      720
attgatcacc ttgatgcagt tgactctgct ccacttacc taagccttgg agtgattgaa      780
aggctcaaca agcttcaaca agactggggc tcaaaactca cttatctcca tgttactcag      840
ccccgttacg cagcatatgg ccaaaccgaa tctggcaaac ctggcagtga tgaagaggaa      900
gctgtgttta tgaggacttt aagaaatgct tatcgtggta catttgttgc tagtgggtggg      960
tactactagg agcttggaat tcatgctgtg gcttctaggg atgctgattt agtgtcttat     1020
ggtcgccttt ttatctcgaa ccccgacttg gttttgagat tgaagcttaa tgcacctttg     1080
accaggtata acaggaagac tttctacacg caagaccctg ttgttgggta cacagactac     1140
ccttttctga gcaatgcaaa tgggaaagag gaaccactct cccgcctctg a              1191

```

<210> 24

<211> 396

<212> PRT

5 <213> *Prunus persica*

<400> 24

ES 2 383 716 T3

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

ES 2 383 716 T3

Leu Thr Tyr Leu His Val Thr Gln Pro Arg Tyr Ala Ala Tyr Gly Gln
275 280 285

Thr Glu Ser Gly Lys Pro Gly Ser Asp Glu Glu Glu Ala Val Phe Met
290 295 300

Arg Thr Leu Arg Asn Ala Tyr Arg Gly Thr Phe Val Ala Ser Gly Gly
305 310 315 320

Tyr Thr Arg Glu Leu Gly Ile His Ala Val Ala Ser Arg Asp Ala Asp
325 330 335

Leu Val Ser Tyr Gly Arg Leu Phe Ile Ser Asn Pro Asp Leu Val Leu
340 345 350

Arg Leu Lys Leu Asn Ala Pro Leu Thr Arg Tyr Asn Arg Lys Thr Phe
355 360 365

Tyr Thr Gln Asp Pro Val Val Gly Tyr Thr Asp Tyr Pro Phe Leu Ser
370 375 380

Asn Ala Asn Gly Lys Glu Glu Pro Leu Ser Arg Leu
385 390 395

<210> 25

<211> 1209

<212> ADN

5 <213> Gossypium hirsutum

<400> 25

ES 2 383 716 T3

atggagcatg gagaaaaagt aaaaatggcg gattctcaag aaaccctac gctgttctct	60
ccttacaaga tgggcaaatt caatctttcc cacaggggtg tgctagcgcc tatgacgaga	120
tgcagggcgt tgaatggaat tccaaggccg gcgcttgctg aatattacac gcagaggtcc	180
actcctggcg gctttctcat cactgaagga acgttgatct ccgacactgg agcaggggtt	240
ccacatgttc ctggaatcta caatgaagaa cagggtggagg catggaagat gattgtggat	300
gctgttcattg ccaaaggggg catcattttc tgtcaactat ggcattgttg ccgagcatct	360
catacagtgt atcaacctgg cggagtggca ccaatatacct caacaaacaa gccatctca	420
aagaggtgga gaattcttat gccagatggg agctatggca tatatccaa acctcgacct	480
ctggaaacat cagaaataca agaggttgta gagcattacc gcaaagcagc cttgaatgcc	540
attcgagcag gttttgatgg gattgagatt catggagcac atggttatct catcgaccaa	600
ttcttaaaag atgggatcaa tgatcgaca gatgagtacg gtggatcatt ggcaaaccgc	660
tgcaaatct taatgcaaat tgttcaagca gtagcttcag ccattggtat agatagagtt	720
gcggtcagaa tgcgcctgc aattgatcac ctgatgcaa ccgactctaa tccgctcaac	780
ctaggcttgg ctgtgattga gagacttaac aagctccagc tacagctggg gtcaaaactc	840
gcttatcttc atgtgacgca acctcggtat catgcatacg ggcaaactga atcaggcaaa	900
cacgggaatg aagacgagga agcttattta ttgagggcac tgaagcggac ctatcacgga	960
actttcatgt gtagtggcgg gttcaatagg gagctgggaa tgcaagctgt ggccgagggg	1020
gatgcagatc ttgtatctta tggccgcctt ttcattctcaa atcctgacct agtctttagg	1080
ttgaaggcca atgcaccatt aaatagggtac attaggaaga cgttctatac tcatgatcct	1140
gttggtgggt acacagacta tccattcctg aacgaagaga agggtagaca agtactgtca	1200
cgcctttga	1209

<210> 26

<211> 402

5 <212> PRT

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 26

ES 2 383 716 T3

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

ES 2 383 716 T3

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

<210> 27

<211> 1200

<212> ADN

5 <213> Coffea canephora

<400> 27

ES 2 383 716 T3

atggctgaaa ctaagtcaga tcaaggaagc ccatctctct tttctccata caagatggga	60
aagttcaatc tgtctcacag ggtggttctg gcgccgatga caagatgcag ggccataaat	120
agcattcctc agcctgccat ggcggagtac tacgccccaa gagcaaccaa tgggtggcttt	180
ctcatcacgg agggcaccat gatctcccca agtgctgccg ggtttccgca tgtgccgggg	240
atctttacaa aggaacaagt ggaggcatgg aagcaagtgg ttgatgcagt acatgccaa	300
ggtgctatta ttttctgtca actgtggcac gttggccgtg catcacatga agtttatcaa	360
cctggtggtg gtgcacccat atcatcaacg ggaaagccta tatcaaagag gtggaggata	420
ttgatgcctg atggcagcca tgggatctac cctaaaccac gtccattaac aacagcgc	480
gagattgcgc aagttgtgga agattaccgc cagtcggcct tgaatgccat tgaagccggt	540
tttgatggta ttgaaatcca tggagcacat ggctacctaa ttgaccagtt cttgaaagat	600
gggatcaatg atcggacaga tgaatatggt ggatctgttg caaatcgctg caaattcatt	660
gtgcaggtgg ttcaggctgt tgtttcagca attggtgcag atcgtgttgg tgtcagaatt	720
tcccctgcta ttgaccatct tgatgccatg gactctgac cactaagctt aggcctggca	780
gtgattgaga gacttaacga gctccaactg aattcaggct ccaagttaac atacttgac	840
gtgactcaac ctcatatac agcgtatggc cagacagagg caggcagaca ggggagtgaa	900
gaagaggagg cccaactagt gaggacctg cgaaaagctt atcaaggaac tttcatttcc	960
agtgggtggg tcaccagaga gctaggagtt gaagcggtag ctgagggtga tgctgatttg	1020
gtttcctatg gtcgcctttt tatctcaaat ccagacttag ttttacgctt taagctaaat	1080
gctcctttga ttaggtataa tagatctacc ttctatactc atgatcctgt ttaggatac	1140
acagattacc cttttctaag caatgggtacc agtggcaatg taccacaatc acgtctgtaa	1200

<210> 28

<211> 399

5 <212> PRT

<213> Coffea canephora

<400> 28

ES 2 383 716 T3

Met Ala Glu Thr Lys Ser Asp Gln Gly Ser Pro Ser Leu Phe Ser Pro
1 5 10 15

Tyr Lys Met Gly Lys Phe Asn Leu Ser His Arg Val Val Leu Ala Pro
20 25 30

Met Thr Arg Cys Arg Ala Ile Asn Ser Ile Pro Gln Pro Ala Met Ala
35 40 45

Glu Tyr Tyr Ala Gln Arg Ala Thr Asn Gly Gly Phe Leu Ile Thr Glu
50 55 60

Gly Thr Met Ile Ser Pro Ser Ala Ala Gly Phe Pro His Val Pro Gly
65 70 75 80

Ile Phe Thr Lys Glu Gln Val Glu Ala Trp Lys Gln Val Val Asp Ala
85 90 95

Val His Ala Lys Gly Ala Ile Ile Phe Cys Gln Leu Trp His Val Gly
100 105 110

Arg Ala Ser His Glu Val Tyr Gln Pro Gly Gly Gly Ala Pro Ile Ser

ES 2 383 716 T3

115					120					125					
Ser	Thr	Gly	Lys	Pro	Ile	Ser	Lys	Arg	Trp	Arg	Ile	Leu	Met	Pro	Asp
	130					135					140				
Gly	Ser	His	Gly	Ile	Tyr	Pro	Lys	Pro	Arg	Pro	Leu	Thr	Thr	Ala	His
145					150					155					160
Glu	Ile	Ala	Gln	Val	Val	Glu	Asp	Tyr	Arg	Gln	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala
				165					170					175	
Ile	Glu	Ala	Gly	Phe	Asp	Gly	Ile	Glu	Ile	His	Gly	Ala	His	Gly	Tyr
			180					185					190		
Leu	Ile	Asp	Gln	Phe	Leu	Lys	Asp	Gly	Ile	Asn	Asp	Arg	Thr	Asp	Glu
		195					200				205				
Tyr	Gly	Gly	Ser	Val	Ala	Asn	Arg	Cys	Lys	Phe	Ile	Val	Gln	Val	Val
	210					215					220				
Gln	Ala	Val	Val	Ser	Ala	Ile	Gly	Ala	Asp	Arg	Val	Gly	Val	Arg	Ile
225					230					235					240
Ser	Pro	Ala	Ile	Asp	His	Leu	Asp	Ala	Met	Asp	Ser	Asp	Pro	Leu	Ser
				245					250					255	
Leu	Gly	Leu	Ala	Val	Ile	Glu	Arg	Leu	Asn	Glu	Leu	Gln	Leu	Asn	Ser
			260					265					270		
Gly	Ser	Lys	Leu	Thr	Tyr	Leu	His	Val	Thr	Gln	Pro	Arg	Tyr	Thr	Ala
		275					280					285			
Tyr	Gly	Gln	Thr	Glu	Ala	Gly	Arg	Gln	Gly	Ser	Glu	Glu	Glu	Glu	Ala
	290					295					300				
Gln	Leu	Val	Arg	Thr	Leu	Arg	Lys	Ala	Tyr	Gln	Gly	Thr	Phe	Ile	Ser
305					310					315					320
Ser	Gly	Gly	Phe	Thr	Arg	Glu	Leu	Gly	Val	Glu	Ala	Val	Ala	Gln	Gly
				325					330					335	
Asp	Ala	Asp	Leu	Val	Ser	Tyr	Gly	Arg	Leu	Phe	Ile	Ser	Asn	Pro	Asp
			340					345					350		
Leu	Val	Leu	Arg	Phe	Lys	Leu	Asn	Ala	Pro	Leu	Ile	Arg	Tyr	Asn	Arg
		355					360					365			
Ser	Thr	Phe	Tyr	Thr	His	Asp	Pro	Val	Val	Gly	Tyr	Thr	Asp	Tyr	Pro
	370					375					380				
Phe	Leu	Ser	Asn	Gly	Thr	Ser	Gly	Asn	Val	Pro	Gln	Ser	Arg	Leu	
385					390					395					

<210> 29

<211> 1414

<212> ADN

<213> Glycine max

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(1167)

<220>

<221> 3'UTR

10 <222> (1168)..(1414)

<400> 29

atg Met 1	gca Ala	gat Asp	aac Asn	tca Ser 5	att Ile	agc Ser	tta Leu	ttt Phe 10	tct Ser	cca Pro	tac Tyr	aac Asn	aag Lys	atg Met 15	ggc Gly	48
aaa Lys	ttc Phe	aac Asn 20	ctc Leu	tct Ser	cat His	agg Arg	gtg Val 25	gta Val	ttg Leu	gct Ala	ccc Pro	atg Met 30	acc Thr	aga Arg	tgc Cys	96
aga Arg	gcg Ala 35	ctc Leu	aat Asn	ggg Gly	act Thr	cca Pro	ctg Leu 40	gca Ala	gca Ala	cat His	gct Ala 45	gaa Glu	tac Tyr	tac Tyr	gct Ala	144
cag Gln 50	aga Arg	tca Ser	aca Thr	ccg Pro	ggg Gly 55	gga Gly	ttt Phe	ctc Leu	atc Ile	act Thr	gaa Glu 60	ggc Gly	acc Thr	ttg Leu	atc Ile	192
tct Ser 65	cca Pro	act Thr	tct Ser	tct Ser	ggg Gly 70	ttt Phe	cct Pro	cat His	gtt Val 75	cct Pro	gga Gly	ata Ile	tac Tyr	tca Ser	gat Asp 80	240
gaa Glu	cag Gln	gta Val	gag Glu 85	gca Ala	tgg Trp	aga Arg	aat Asn	gta Val 90	gtg Val	gac Asp	gcc Ala	gtg Val	cat His 95	gcc Ala	aac Asn	288
ggc Gly	agc Ser	ttt Phe 100	atc Ile	ttc Phe	tgt Cys	caa Gln	ctc Leu	tgg Trp 105	cat His	gtt Val	ggc Gly	cgt Arg 110	gca Ala	tca Ser	cat His	336
cca Pro	gtg Val 115	tat Tyr	cag Gln	cct Pro	ggg Gly	ggg Gly	gct Ala 120	cta Leu	ccc Pro	tct Ser	tcg Ser	tcc Ser 125	acc Thr	agc Ser	aaa Lys	384
ccc Pro 130	ata Ile	tca Ser	gac Asp	aag Lys	tgg Trp	aaa Lys 135	att Ile	ctc Leu	atg Met	ccc Pro	gat Asp 140	ggc Gly	tcc Ser	cat His	ggc Gly	432
atc Ile 145	tat Tyr	cca Pro	gag Glu	cct Pro	cgt Arg 150	gca Ala	ctt Leu	acc Thr	act Thr	tct Ser 155	gag Glu	ata Ile	tct Ser	gaa Glu	ata Ile 160	480
gtg Val	cat His	cat His	tat Tyr	cgc Arg 165	caa Gln	gca Ala	gct Ala	att Ile	aat Asn 170	gca Ala	att Ile	cga Arg	gca Ala	ggg Gly 175	ttt Phe	528
gat Asp	gga Gly	atc Ile	gag Glu 180	att Ile	cat His	gga Gly	gca Ala	cat His 185	ggg Gly	tat Tyr	ctc Leu	att Ile	gat Asp 190	caa Gln	ttc Phe	576
tta Leu	aag Lys	gat Asp 195	gca Ala	atc Ile	aat Asn	gat Asp	aga Arg 200	aca Thr	gat Asp	gaa Glu	tac Tyr	ggg Gly 205	gga Gly	cca Pro	cta Leu	624

ES 2 383 716 T3

gaa aac cgg tgc agg ttc tta atg gag gta gtt gaa gct gtt gtc tct Glu Asn Arg Cys Arg Phe Leu Met Glu Val Val Glu Ala Val Val Ser 210 215 220	672
gcc att gga gcg gaa aga gtt gct atc aga att tca cca gca att gat Ala Ile Gly Ala Glu Arg Val Ala Ile Arg Ile Ser Pro Ala Ile Asp 225 230 235 240	720
ttc aat gac gcc ttt gac tct gac cca ctt ggg cta ggc tta gca gtg Phe Asn Asp Ala Phe Asp Ser Asp Pro Leu Gly Leu Gly Leu Ala Val 245 250 255	768
att gaa aga ctc aac aat ttg cag aaa caa gtg ggc aca aaa ctc gct Ile Glu Arg Leu Asn Asn Leu Gln Lys Gln Val Gly Thr Lys Leu Ala 260 265 270	816
tat ctt cat gtt act cag cct cga ttc aca ctt ttg gcg caa acc gag Tyr Leu His Val Thr Gln Pro Arg Phe Thr Leu Leu Ala Gln Thr Glu 275 280 285	864
tca gtg agt gaa aag gag gaa gct cat ttc atg cag aaa tgg aga gag Ser Val Ser Glu Lys Glu Glu Ala His Phe Met Gln Lys Trp Arg Glu 290 295 300	912
gct tat gag gga aca ttc atg tgt agt gga gct ttt act agg gac tca Ala Tyr Glu Gly Thr Phe Met Cys Ser Gly Ala Phe Thr Arg Asp Ser 305 310 315 320	960
gga atg gaa gct gta gct gaa ggc cat gct gat ttg gta tcc tat ggt Gly Met Glu Ala Val Ala Glu Gly His Ala Asp Leu Val Ser Tyr Gly 325 330 335	1008
cgt ctt ttc atc tcc aat cca gac ttg gtt tta agg ctt aag ctc aat Arg Leu Phe Ile Ser Asn Pro Asp Leu Val Leu Arg Leu Lys Leu Asn 340 345 350	1056
gca cct ctt acc aag tat aac agg aac aca ttt tac acc caa gat cct Ala Pro Leu Thr Lys Tyr Asn Arg Asn Thr Phe Tyr Thr Gln Asp Pro 355 360 365	1104
gtt ata ggc tac aca gat tat cct ttc ttt aat gga aca act gag aca Val Ile Gly Tyr Thr Asp Tyr Pro Phe Phe Asn Gly Thr Thr Glu Thr 370 375 380	1152
aaa tta agt aac tag ctaaggccat gcatgccctt taattttaat ctccatatgg Lys Leu Ser Asn 385	1207
ctttttgaat aataatgttc ataacattca aaactcttca gttgagttta tcctcagaca	1267
aacaaattaa gtggttcatt cacttggttag ggtattttaga tcttaggtta attagtctcc	1327
ggcattttga tttcatttca atttgatttc agtcctttcat tttgaataaa ataataattaa	1387
gttttttgcc ttataaaaaa aaaaaaa	1414

<210> 30

<211> 388

<212> PRT

5 <213> Glycine max

<400> 30

ES 2 383 716 T3

Met Ala Asp Asn Ser Ile Ser Leu Phe Ser Pro Tyr Asn Lys Met Gly
1 5 10 15

Lys Phe Asn Leu Ser His Arg Val Val Leu Ala Pro Met Thr Arg Cys

ES 2 383 716 T3

[illegible]

ES 2 383 716 T3

Ala Tyr Glu Gly Thr Phe Met Cys Ser Gly Ala Phe Thr Arg Asp Ser
305 310 315 320

Gly Met Glu Ala Val Ala Glu Gly His Ala Asp Leu Val Ser Tyr Gly
325 330 335

Arg Leu Phe Ile Ser Asn Pro Asp Leu Val Leu Arg Leu Lys Leu Asn
340 345 350

Ala Pro Leu Thr Lys Tyr Asn Arg Asn Thr Phe Tyr Thr Gln Asp Pro
355 360 365

Val Ile Gly Tyr Thr Asp Tyr Pro Phe Phe Asn Gly Thr Thr Glu Thr
370 375 380

Lys Leu Ser Asn
385

REIVINDICACIONES

- 5 1. El uso de una molécula de ARN bicatenario que comprende i) una primera cadena que contiene una secuencia al menos 80% idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos de una porción de un gen tipo OPR3, y ii) una segunda cadena que contiene una secuencia complementaria al menos sobre el 80% de sus nucleótidos con la primera cadena, en donde la porción del gen tipo OPR3 es de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:
 - a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
 - b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;
 - 10 c) un polinucleótido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
 - d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;para la generación de plantas transgénicas resistentes a la infestación por nemátodos.
- 15 2. El uso de una reserva de moléculas de ARN bicatenario que comprende una multiplicidad de moléculas de ARN cada una conteniendo una región bicatenaria que tiene una longitud de 19 a 24 nucleótidos, en donde dichas moléculas de ARN bicatenario se derivan de una porción de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:
 - a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
 - 20 b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;
 - c) un polinucleótido que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29; y
 - 25 d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene 90% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;para la generación de plantas transgénicas resistentes a la infestación por nemátodos.
- 30 3. Una planta transgénica resistente a los nemátodos capaz de expresar un ARN bicatenario que es al menos 80% idéntico a 20 o más nucleótidos contiguos de una porción de un gen tipo OPR3, en donde la porción del gen tipo OPR3 es de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:
 - a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
 - b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;
 - c) un polinucleótido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
 - 35 d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30.
- 40 4. La planta transgénica resistente a los nemátodos de la reivindicación 3, en donde el ARN bicatenario comprende una multiplicidad de moléculas de ARN cada una conteniendo una región bicatenaria que tiene una longitud de 19 a 24 nucleótidos, en donde dichas moléculas de ARN se derivan de una porción de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:

a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;

b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;

5 c) un polinucleótido que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29; y

d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30.

10 5. La planta transgénica de la reivindicación 3 ó 4, en donde la planta se selecciona entre el grupo que consiste de maíz, trigo, cebada, sorgo, centeno, triticale, arroz, caña de azúcar, árboles de cítricos, piña, coco, plátano, café, té, tabaco, girasol, guisantes, alfalfa, soja, zanahoria, apio, tomate, patata, algodón, tabaco, berenjena, pimiento, colza, canola, remolacha, col, coliflor, brócoli, lechuga, *Lotus sp.*, *Medicago truncatula*, gramíneas perennes, raigrás, y *Arabidopsis thaliana*.

15 6. Un método para elaborar una planta transgénica resistente a los nemátodos capaz de expresar un ARN bicatenario que inhibe la expresión de un gen objetivo tipo OPR3 en la planta, dicho método comprende las etapas de i) preparar un ácido nucleico que tiene una región que es al menos 80% idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos de una porción del tipo OPR3, en donde el ácido nucleico es capaz de formar una transcripción bicatenaria una vez expresada en la planta; ii) transformar una planta receptora con dicho ácido nucleico; iii) producir uno o más descendientes transgénicos de dicha planta receptora; y iv) seleccionar el descendiente para la expresión de dicha transcripción, en donde la porción del gen objetivo es de 19 a 500 nucleótidos de un polinucleótido
20 seleccionado entre el grupo que consiste de:

a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;

b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;

25 c) un polinucleótido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;

d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30.

30 7. El método de la reivindicación 6, en donde el ARN bicatenario comprende una multiplicidad de moléculas de ARN cada una conteniendo una región bicatenaria que tiene una longitud de 19 a 24 nucleótidos, en donde dichas moléculas de ARN se derivan de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:

a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;

b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;

35 c) un polinucleótido que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29; y

d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30.

40 8. El método de la reivindicación 6 ó 7, en donde la planta se selecciona entre el grupo que consiste de soja, patata, tomate, maní, algodón, mandioca, café, coco, piña, árboles de cítricos, plátano, maíz, colza, remolacha, girasol, sorgo, trigo, avena, centeno, cebada, arroz, judías verdes, habas, guisantes, y tabaco.

9. El método de cualquiera de las reivindicaciones 6 a 8, en donde el ARN bicatenario se expresa en las raíces de la planta o en los sitios de alimentación del nemátodo.

10. Un método para conferir resistencia a los nemátodos a una planta, dicho método comprendiendo las etapas de:

a) preparar un ácido nucleico que codifica una molécula de ARN bicatenario que tiene una región que es al menos 80% idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos de una porción de un gen tipo OPR3, en donde el ácido nucleico es capaz de formar una transcripción bicatenaria de una porción de un gen tipo OPR3 una vez expresado en la planta, en donde la porción del gen tipo OPR3 es de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:

- 5 a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
- b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;
- c) un polinucleótido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
- 10 d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;
- b) transformar una planta receptora con dicho ácido nucleico;
- c) producir uno o más descendientes transgénicos de dicha planta receptora; y
- d) seleccionar la descendencia para resistencia a los nemátodos.
- 15 11. Un método para controlar la infección de una planta por un nemátodo parásito, que comprende las etapas de transformar la planta con un ácido nucleico que codifica una molécula de ARN bicatenario operativamente enlazada a un promotor preferido del sitio de alimentación del nemátodo, inducible por el nemátodo o preferido de la raíz, mediante el cual el ARN bicatenario que contiene una cadena que es al menos 80% idéntica a 20 o más nucleótidos contiguos de una porción de un ácido nucleico objetivo esencial para la formación, desarrollo o soporte del sitio de alimentación, en particular la formación, desarrollo o soporte de sincitios o células gigantes, controlando así la
- 20 infección de la planta por parte del nemátodo removiendo o incapacitando funcionalmente el sitio de alimentación, los sincitios o las células gigantes, en donde al ácido nucleico objetivo es un gen del tipo OPR3, en donde la porción del gen tipo OPR3 es de un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste de:
- a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
- 25 b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30;
- c) un polinucleótido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 1, 2 ó 29;
- d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos 70% de identidad de secuencia con un
- 30 polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en las SEQ ID NOs: 3 ó 30.

ES 2 383 716 T3

Figura 1

Nombre del gen	Especie	SEQ ID NO:
ADNc parcial de 45174942	Glycine max	1
Fragmento sentido de 45174942	Glycine max	2
Traducción del ADN parcial de 45174942	Glycine max	3
Promotor tipo TPP	Arabidopsis thaliana	4
Promotor At5g12170	Arabidopsis thaliana	5
Promotor tipo MtN3	Glycine max	6
ADN de tomate Q9FEW9	Lycopersicon esculentum	7
Proteína de tomate Q9FEW9	Lycopersicon esculentum	8
ADN de Arabidopsis thaliana	Arabidopsis thaliana	9
Proteína de Arabidopsis At2g06050	Arabidopsis thaliana	10
ADN de Hevea AAY27752	Hevea brasiliensis	11
Proteína Hevea AAY27752	Hevea brasiliensis	12
ADN de Oryza EAZ42984	Oryza sativa	13
Proteína de Oryza EAZ42984	Oryza sativa	14
ADN de Zea AAY26527	Zea mays	15
Proteína de Zea AAY26527	Zea mays	16
ADN de Zea AAY26528	Zea mays	17
Proteína de Zea AAY26528	Zea mays	18
ADN de Arachis EG030595	Arachis hypogaea	19
Proteína de Arachis EG030595	Arachis hypogaea	20
ADN de patata TA29350_4113	Solanum tuberosum	21
Proteína de patata TA29350_4113	Solanum tuberosum	22
ADN de Prunus TA4283_3760	Prunus persica	23
Proteína de Prunus TA4283_3760	Prunus persica	24
ADN de Gossypium TA23750_3635	Gossypium hirsutum	25
Proteína de Gossypium TA23750_3635	Gossypium hirsutum	26
ADN de Coffea TA7248_49390	Coffea canephora	27
Proteína de Coffea TA7248_49390	Coffea canephora	28
ADN tipo GmOPR3 de longitud completa	Glycine max	29
Proteína tipo GmOPR3 de longitud completa	Glycine max	30

Figura 2a

Tipo GmOPR3	(1)	-----MADN-SISLFSPYNKMGKFNLSHRVVLAPMTRCRALNG
EG030595 Arachis	(1)	-----MADNESSLSFSAY-KMAKFSLSHRVVLAPMTRCRALNG
AA27752 Hevea	(1)	-----MAETGTEGTGITTLSFSPY-KMGKFSLSHRVVLAPMTRCRALNG
At2g06050_Arabidopsis	(1)	-----MTAAQGNSNETLFSSY-KMGRFDLSHRVVLAPMTRCRALNG
Q9FEW9_tomate	(1)	-----MASSAQDGNPLFSPY-KMGKFNLSHRVVLAPMTRCRALNN
TA29350 4113_patata	(1)	----MAKTTSSSAQDGSNPLFSPY-KMAKFNLSHRIVLAPMTRCRALNN
TA23750_3635_Gossypium	(1)	---MEHGEKVKMADSQETPTLFSPY-KMGKFNLSHRVVLAPMTRCRALNG
TA4283 - 3760- Prunus	(1)	-----MAEASSQGPTLFSPF-KMGKFNLSHRVVLAPMTRCRALNG
TA7248 - 49390- Coffea	(1)	-----MAETKSDQGSPSLFSPY-KMGKFNLSHRVVLAPMTRCRALNS
AA26528 Zea	(1)	MASTDRSAPAEDQQPQRPSLFSPY-QMPHFRLAHRVVLAPMTRCRAPDA
AA26527 Zea	(1)	MASTDRSTPAEDEQQQKRPSLFSPY-QMPRFRLAHRVVLAPMTRCRAPDA
EA242984_Oryza	(1)	----MDRPPPDQQRQKQAPLFSPY-QMPRFRLNHRVVLAPMTRCRAIGG
Tipo GmOPR3	(38)	TPLAHAHEYAQRSTPGGFLITEGLISPTSSGFPHVPGIYSDEQVEAWR
EG030595 Arachis	(38)	IPRAHAHEYAQRSTPGGFLITEGLISPTAPGFPHVPGIYSEEQVEAWR
AA27752 Hevea	(43)	IPNAALVDYYTQRSTPGGFLITEGLVSPTAPGFPHVPGIYTEEQAEAWK
At2g06050_Arabidopsis	(41)	VPNAALAEYYAQRSTPGGFLISEGTMVSPGSAGFPHVPGIYSDEQVEAWK
Q9FEW9_tomate	(41)	IPQAALGEYYEQRATAGGFLITEGTMISPTSAGFPHVPGIFTKEQVREWK
TA29350_4113_patata	(45)	IPSAALGEYYEQRATAGGFLITEGTMISPTSAGFPHVPGIFTKEQVEEWK
TA23750 3635_Gossypium	(47)	IPRPALAEYYTQRSTPGGFLITEGLISDTGAGFPHVPGIYNEEQVEAWK
TA4283 3760 Prunus	(40)	LPQPALAEYYTQRSTNGGFLITEGLVSDTGAGFPHVPGIYNDEQVEAWK
TA7248- 49390- Coffea	(42)	IPQPAMAEYYAQRATNGGFLITEGTMISPSAAGFPHVPGIFTKEQVEAWK
AA26528 Zea	(50)	LPGPALAEYYAQRSTEGGLLISEGTIISPAGPGFPRVPGIYNQEQTDAWK
AA26527 Zea	(50)	VPGPALAEYYAQRSTDGGLLISEGTIISPSGPGFPRVPGIYNQEQTDAWR
EA242984_Oryza	(45)	VPGPALAEYYAQRRTQGGLLISEGTVVSPAGPGFPHVPGIYNQEQTDAWK
Tipo GmOPR3	(88)	NVVDVAVHANGSFIFCQLWHVGRASHPVYQPGGALPSSSTSKPIS-DKWKI
EG030595 Arachis	(88)	NVVDVAVHAKGSFIFCQLWHVGRASHPVYQPGAAPISSTNKAIS-SRWRI
AA27752 Hevea	(93)	RVVDVAVHAKGSIFCQLWHVGRASHQVYQPNGAAPISSTGKAIS-NRWRI
At2g06050_Arabidopsis	(91)	QVVEAVHAKGGFIFCQLWHVGRASHAVYQPNGGSPISSTNKPISENRRVRI
Q9FEW9_tomate	(91)	KIVDVVHAKGAVIFCQLWHVGRASHEVYQPAGAAPISSTEKPIS-NRWRI
TA29350_4113_patata	(95)	KIVDVVHAKGAVIFCQLWHVGRASHEVYQPAGAAPISSTEKPIS-KRWRI
TA23750 3635_Gossypium	(97)	MIVDAVHAKGGIIFCQLWHVGRASHTVYQPGGVAPISSTNKPIS-KRWRI
TA4283 3760 Prunus	(90)	KVVDVAVHAKGAIIFCQLWHVGRASHEVYQPGGGSPISSTDVPIS-KRWRI
TA7248 49390 Coffea	(92)	QVVDVAVHAKGAIIFCQLWHVGRASHEVYQPGGGAPISSTGKPIS-KRWRI
AA26528 Zea	(100)	KVVDVAVHAKGAIFFCQLWHVGRASHQVYQPGGSAPISSTDKPIS-SRWRI
AA26527 Zea	(100)	KVVDVAVHAKGAIFFCQLWHVGRASHQVYQPGAAAPISSTDKPIS-SRWRI
EA242984_Oryza	(95)	KVVDVAVHAKGGIFFCQLWHVGRASHQVYQPNGAAPISSTDKPIS-ARWRI

ES 2 383 716 T3

Figura 2b

Tipo GmOPR3	(137) LMPDGSHGIYPEPRALTTS-EISEIVHHYRQAANIRAGFDGIEIHGAH
EG030595 Arachis	(137) LLPDQSYGVYPEPRPLDSS-EIPQIVDHYRQSAVNIRAGFDGIEIHGAH
AAY27752 Hevea	(142) LMPDGSYGKYPTPRPLETP-EILEVVKNYRQSALNIRAGFDGIEVHGAH
At2g06050_Arabidopsis	(141) LLPDGSHVKYPKPRALEAS-EIPRVVEDYCLSALNIRAGFDGIEIHGAH
Q9FEW9_tomate	(140) LMPDGTGHIYPKPRAIGTY-EISQVVEDYRRSALNAIEAGFDGIEIHGAH
TA29350_4113_patata	(144) LMPDGTGHIYPKPRAIGTY-EISQVVEDYCRSALNAIEAGFDGIEIHGAH
TA23750_3635_Gossypium	(146) LMPDGSYGIYPKPRLPLETS-EIQEVVEHYRKAALNIRAGFDGIEIHGAH
TA4283_3760 Prunus	(139) LLPDASHATYPKPRRLETP-EILQVVEHYRQAALNIRAGFDGIEIHGAH
TA7248 - 49390 - Coffea	(141) LMPDGSHGIYPKPRLTTAHEIAQVVEDYRQSALNAIEAGFDGIEIHGAH
AAY26528 Zea	(149) LMPDGSYGKYTPRRLATS-EIPEIVEQYRQAANAIKAGFDGIEIHGAH
AAY26527 Zea	(149) LMPDGSYGKYTPRRLATS-EIPEIVEQYRQAANAIKAGFDGIEIHGAH
EAZ42984_Oryza	(144) LMPDGSYGKYPKPRRLAAS-EIPEIVEQYRQAANAIKAGFDGIEIHGAH
Tipo GmOPR3	(186) GYLIDQFLKDAINDRTDEYGGPLENRCRFLMEVVEAVVSAIGAERVAIRI
EG030595 Arachis	(186) GYLIDQFLKDGINERRDEYGGISNRCRFLMQVVKAVVSAIGAERVGURI
AAY27752 Hevea	(191) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGISNNRCRFLMQVIQAVVAAIGADRVGFRM
At2g06050_Arabidopsis	(190) GYLIDQFLKDGINDRTDQYGGSIANRCRFLKQVVEGVVSAIGASKVGVRV
Q9FEW9_tomate	(189) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGSLANRCKFITQVVQAVVSAIGADRVGVRV
TA29350_4113_patata	(193) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGSLANRCKFITQVVQAVISAIGADRVGVRV
TA23750_3635_Gossypium	(195) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGSLANRCKFLMQIVQAVASAIGIDRVAVRM
TA4283- 3760- Prunus	(188) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGSLANRCKFLLQVVQAVVGAVGADRVGVRI
TA7248- 49390- Coffea	(191) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGSVANRCKFIVQVVQAVVSAIGADRVGVRI
AAY26528 Zea	(198) GYLIDQFLKDGINDRADEYGGSLSNRCRFLLEVTRAVVSAIGADRVAVRV
AAY26527 Zea	(198) GYLIDQFLKGGINDRTDEYGGSLSNRCRFLLEVTRAVVSAIGADRVAVRV
EAZ42984_Oryza	(193) GYLIDQFLKDGINDRTDEYGGSLSNRCRFLLEVTRAVVSAIGADRVAVRI
Tipo GmOPR3	(236) SPAIDFNDAFSDPLGLGLAVIERLNNLQKQVGTKLAYLHVTQPRFTLLA
EG030595 Arachis	(236) SPAIDHLDAMDSPL-----
AAY27752 Hevea	(241) SPAIDHLDIDSPLNLGLAVIERLNKLQLNLGSKLTYLHVTQPRYTAYG
At2g06050_Arabidopsis	(240) SPAIDHLDATDSPLSLGLAVVGMLNKLQGVNGSKLAYLHVTQPRYHAYG
Q9FEW9_tomate	(239) SPAIDHLDAMDSNPLSLGLAVVERLNKIQHSGSKLAYLHVTQPRYVAYG
TA29350_4113_patata	(243) SPAIDHLDAMDSNPLSLGLAVVERLNKIQHSGSKLAYLHVTQPRYVAYG
TA23750_3635_Gossypium	(245) SPAIDHLDATDSNPLNLGLAVIERLNKLQLQLGSKLAYLHVTQPRYHAYG
TA4283_3760 Prunus	(238) SPAIDHLDVDSAPLTLGLAVIERLNKLQQDWGSKLTYLHVTQPRYAAYG
TA7248 49390_Coffea	(241) SPAIDHLDAMDSPLSLGLAVIERLNELQLNSGSKLTYLHVTQPRYTAYG
AAY26528_Zea	(248) SPAIDHLDAYDSNPLQLGLAVVDRNLALQEETG-RLAYLHVTQPRYTAYG
AAY26527_Zea	(248) SPAIDHLDAYDSNPLQLGLAVVERLNALQQEAG-RLAYLHVTQPRYTAYG
EAZ42984_Oryza	(243) SPAIDHLDAYDSPIKLGMAVVERLNALQQQSG-RLAYLHVTQPRYTAYG

ES 2 383 716 T3

Figura 2c

Tipo GmOPR3	(286) QTESV---SEKEEAHFMQKWREAYEGTFMCSGAFTRDSGMEAVAEGHADL
EG030595 Arachis	(251) -----
AAY27752 Hevea	(291) QTESGRHGTEEEEARLMRTWRRAYKGTFCISGGFTRELGMEIAAQDDADL
At2g06050_Arabidopsis	(290) QTESGRQGSDEEEAKLMKSLRMAYNGTFMSSGGFNKELGMQAVQQGDADL
Q9FEW9_tomate	(289) QTEAGRLGSEEEEARLMRTLRLNAYQGTFCISGGYTRELGIEAVAQGDADL
TA29350_4113_patata	(293) QTEAGRLGSEEEEAHLMRTLRLNAYQGTFCISGGYTRELGIEAVAQGDADL
TA23750_3635_Gossypium	(295) QTESGKHGNEDEEAYLLRALKRTHGTFCISGGFNRELGMQAVAEGDADL
TA4283_3760 Prunus	(288) QTESGKPGSDEEEAVFMRTLRLNAYRGTFVASGGYTRELGIHAVASRDADL
TA7248 - 49390 - Coffea	(291) QTEAGRQGSEEEEAQLVRTLRLKAYQGTFISSGGFTRELGVEAVAQGDADL
AAY26528 Zea	(297) QTESGQHGS~EEESRLMRALRGAYRGTFMCSGGYTRELGVEAVESWDADL
AAY26527 Zea	(297) QTESGQHGSAAEESRLMRAVRGAYRGTFMCSGGYTRELGVEAIESGDADL
EAZ42984_0ryza	(292) QTESGQHGSAAEESRLMRTLRLGTYQGTFCISGGYTRELGLEAVESGDADL
Tipo GmOPR3	(333) VSYGRLFISNPDLVRLKLNAPLTKYNRNTFYTDQDPVIGYTDYPFFNGTT
EG030595 Arachis	(251) -----
AAY27752 Hevea	(341) VSYGRLFISNPDLVLRFLNAPLNKYVRKTFYTDQDPVVGTYDYPFRKVD
At2g06050_Arabidopsis	(340) VSYGRLFIANPDLVSRFKIDGELNKYNRKTFTYTDQDPVVGTYDYPFLAPF--
Q9FEW9_tomate	(339) VSYGRLFISNPDLVMRIKLNAPLNKYNRKTFYTDQDPVVGTYDYPFLQGNG
TA29350_4113_patata	(343) VSYGRLFISNPDLVMRIKLNAPLNKYNRKTFYTDQDPVVGTYDYPFLQGNG
TA23750_3635_Gossypium	(345) VSYGRLFISNPDLVRLKVNAPLNRYIRKTFYTHDPVVGTYDYPFLNEEK
TA4283- 3760- Prunus	(338) VSYGRLFISNPDLVRLKLNAPLTRYNRKTFYTDQDPVVGTYDYPFLSNAN
TA7248- 49390- Coffea	(341) VSYGRLFISNPDLVLRFLNAPLIRYNRSTFYTHDPVVGTYDYPFLSNGT
AAY26528 Zea	(347) VSYGRLFIANPDLVERFRRDAPLNRYVRKTFYTPDPVVGTYDYPFLGQ--
AAY26527 Zea	(347) VSYGRLFIANPDLVERFRRDAPLNKYVRKTFYTPDPVVGTYDYPFLGQ--
EAZ42984_0ryza	(342) VSYGRLFISNPDLVERFRLNAGLNKYVRKTFYTPDPVVGTYDYPFLGQ--
Tipo GmOPR3	(383) ET--KLSN-----
EG030595 Arachis	(251) -----
AAY27752 Hevea	(391) GSQEPRSR-----
At2g06050_Arabidopsis	(389) -----SRL-----
Q9FEW9_tomate	(389) SNG-PLSRL-----
TA29350_4113_patata	(393) SNG-PLSRL-----
TA23750_3635_Gossypium	(395) GRQV-LSRL-----
TA4283_3760_Prunus	(388) GKEEPLSRL-----
TA7248 49390_Coffea	(391) SGNVPQSRL-----
AAY26528_Zea	(395) ----PKARM-----
AAY26527_Zea	(395) ----PKARM-----
EAZ42984_0ryza	(390) ----PKSRM-----

ES 2 383 716 T3

Figura 3: Porcentaje global de identidad de aminoácidos entre ejemplos de los genes tipo OPR3

	Tipo GmOPR3	EG030595 Arachis	AAV27752 Hevea	At2g06050 Arabidopsis	Q9FEW9 tomate	TA29350_4113 patata	TA23750_3635 Gossypium	TA4283_3760 Prunus	TA7248_49390 Coffea	AAV26528 Zea	AAV26527 Zea	EAZ42984 Oryza
Tipo GmOPR3	100	82	73	70	72	72	74	72	73	69	70	70
EG030595 Arachis		100	79	76	73	73	78	75	78	73	74	72
AAV27752 Hevea			100	74	77	75	78	77	78	72	73	74
At2g06050 Arabidop.				100	75	74	74	74	74	70	70	72
Q9FEW9 tomate					100	97	77	77	83	72	72	73
TA29350_4113 patata						100	76	76	83	70	70	72
TA23750_3635 Gos.							100	79	78	73	72	73
TA4283_3760 Prunus								100	79	74	72	73
TA7248_49390 Cof.									100	74	73	74
AAV26528 Zea										100	94	87
AAV26527 Zea											100	87
EAZ42984 Oryza												100

Figura 4: Porcentaje global de identidad de nucleótidos entre ejemplos de genes tipo OPR3

	Tipo GmOPR3	EG030595 Arachis	AAY27752 Hevea	AT2G06050 Arabidopsis	AJ278332 tomate	TA29350_4113 Solanum	TA23750_3635 Gossypium	TA4283_3760 Prunus	TA7248_49390 Coffea	AAY26527 Zea	AAY26528 Zea	EAZ42984 arroz
Tipo GmOPR3	100	79	72	68	72	71	73	71	70	63	62	65
EG030595 Arachis		100	75	70	72	71	74	72	70	69	68	68
AAY27752 Hevea			100	70	74	73	77	76	74	66	65	68
AT2G06050 Arabi.				100	70	69	71	70	69	63	63	66
AJ278332 tomate					100	97	74	74	77	65	64	66
TA29350_4113 So.						100	73	73	77	64	64	65
TA23750_3635 Gos.							100	76	74	66	66	68
TA4283_3760 Prun.								100	75	66	66	68
TA7248_49390 Cof.									100	66	65	65
AAY26527 Zea										100	94	82
AAY26528 Zea											100	82
EAZ42984 arroz												100

ES 2 383 716 T3

Figura 5a

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
1	a	21	31	a	51	61	a	81	91	a	111	121	a	141
2	a	22	32	a	52	62	a	82	92	a	112	122	a	142
3	a	23	33	a	53	63	a	83	93	a	113	123	a	143
4	a	24	34	a	54	64	a	84	94	a	114	124	a	144
5	a	25	35	a	55	65	a	85	95	a	115	125	a	145
6	a	26	36	a	56	66	a	86	96	a	116	126	a	146
7	a	27	37	a	57	67	a	87	97	a	117	127	a	147
8	a	28	38	a	58	68	a	88	98	a	118	128	a	148
9	a	29	39	a	59	69	a	89	99	a	119	129	a	149
10	a	30	40	a	60	70	a	90	100	a	120	130	a	150
11	a	31	41	a	61	71	a	91	101	a	121	131	a	151
12	a	32	42	a	62	72	a	92	102	a	122	132	a	152
13	a	33	43	a	63	73	a	93	103	a	123	133	a	153
14	a	34	44	a	64	74	a	94	104	a	124	134	a	154
15	a	35	45	a	65	75	a	95	105	a	125	135	a	155
16	a	36	46	a	66	76	a	96	106	a	126	136	a	156
17	a	37	47	a	67	77	a	97	107	a	127	137	a	157
18	a	38	48	a	68	78	a	98	108	a	128	138	a	158
19	a	39	49	a	69	79	a	99	109	a	129	139	a	159
20	a	40	50	a	70	80	a	100	110	a	130	140	a	160
21	a	41	51	a	71	81	a	101	111	a	131	141	a	161
22	a	42	52	a	72	82	a	102	112	a	132	142	a	162
23	a	43	53	a	73	83	a	103	113	a	133	143	a	163
24	a	44	54	a	74	84	a	104	114	a	134	144	a	164
25	a	45	55	a	75	85	a	105	115	a	135	145	a	165
26	a	46	56	a	76	86	a	106	116	a	136	146	a	166
27	a	47	57	a	77	87	a	107	117	a	137	147	a	167
28	a	48	58	a	78	88	a	108	118	a	138	148	a	168
29	a	49	59	a	79	89	a	109	119	a	139	149	a	169
30	a	50	60	a	80	90	a	110	120	a	140	150	a	170

ES 2 383 716 T3

Figura 5b

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la											
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó											
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3											
151	a	171	181	a	201	211	a	231	241	a	261
152	a	172	182	a	202	212	a	232	242	a	262
153	a	173	183	a	203	213	a	233	243	a	263
154	a	174	184	a	204	214	a	234	244	a	264
155	a	175	185	a	205	215	a	235	245	a	265
156	a	176	186	a	206	216	a	236	246	a	266
157	a	177	187	a	207	217	a	237	247	a	267
158	a	178	188	a	208	218	a	238	248	a	268
159	a	179	189	a	209	219	a	239	249	a	269
160	a	180	190	a	210	220	a	240	250	a	270
161	a	181	191	a	211	221	a	241	251	a	271
162	a	182	192	a	212	222	a	242	252	a	272
163	a	183	193	a	213	223	a	243	253	a	273
164	a	184	194	a	214	224	a	244	254	a	274
165	a	185	195	a	215	225	a	245	255	a	275
166	a	186	196	a	216	226	a	246	256	a	276
167	a	187	197	a	217	227	a	247	257	a	277
168	a	188	198	a	218	228	a	248	258	a	278
169	a	189	199	a	219	229	a	249	259	a	279
170	a	190	200	a	220	230	a	250	260	a	280
171	a	191	201	a	221	231	a	251	261	a	281
172	a	192	202	a	222	232	a	252	262	a	282
173	a	193	203	a	223	233	a	253	263	a	283
174	a	194	204	a	224	234	a	254	264	a	284
175	a	195	205	a	225	235	a	255	265	a	285
176	a	196	206	a	226	236	a	256	266	a	286
177	a	197	207	a	227	237	a	257	267	a	287
178	a	198	208	a	228	238	a	258	268	a	288
179	a	199	209	a	229	239	a	259	269	a	289
180	a	200	210	a	230	240	a	260	270	a	290
									300	a	320

ES 2 383 716 T3

Figura 5c

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
301	a	321	331	a	351	361	a	381	391	a	411	421	a	441
302	a	322	332	a	352	362	a	382	392	a	412	422	a	442
303	a	323	333	a	353	363	a	383	393	a	413	423	a	443
304	a	324	334	a	354	364	a	384	394	a	414	424	a	444
305	a	325	335	a	355	365	a	385	395	a	415	425	a	445
306	a	326	336	a	356	366	a	386	396	a	416	426	a	446
307	a	327	337	a	357	367	a	387	397	a	417	427	a	447
308	a	328	338	a	358	368	a	388	398	a	418	428	a	448
309	a	329	339	a	359	369	a	389	399	a	419	429	a	449
310	a	330	340	a	360	370	a	390	400	a	420	430	a	450
311	a	331	341	a	361	371	a	391	401	a	421	431	a	451
312	a	332	342	a	362	372	a	392	402	a	422	432	a	452
313	a	333	343	a	363	373	a	393	403	a	423	433	a	453
314	a	334	344	a	364	374	a	394	404	a	424	434	a	454
315	a	335	345	a	365	375	a	395	405	a	425	435	a	455
316	a	336	346	a	366	376	a	396	406	a	426	436	a	456
317	a	337	347	a	367	377	a	397	407	a	427	437	a	457
318	a	338	348	a	368	378	a	398	408	a	428	438	a	458
319	a	339	349	a	369	379	a	399	409	a	429	439	a	459
320	a	340	350	a	370	380	a	400	410	a	430	440	a	460
321	a	341	351	a	371	381	a	401	411	a	431	441	a	461
322	a	342	352	a	372	382	a	402	412	a	432	442	a	462
323	a	343	353	a	373	383	a	403	413	a	433	443	a	463
324	a	344	354	a	374	384	a	404	414	a	434	444	a	464
325	a	345	355	a	375	385	a	405	415	a	435	445	a	465
326	a	346	356	a	376	386	a	406	416	a	436	446	a	466
327	a	347	357	a	377	387	a	407	417	a	437	447	a	467
328	a	348	358	a	378	388	a	408	418	a	438	448	a	468
329	a	349	359	a	379	389	a	409	419	a	439	449	a	469
330	a	350	360	a	380	390	a	410	420	a	440	450	a	470

ES 2 383 716 T3

Figura 5d

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
451	a	471	481	a	501	511	a	531	541	a	561	571	a	591
452	a	472	482	a	502	512	a	532	542	a	562	572	a	592
453	a	473	483	a	503	513	a	533	543	a	563	573	a	593
454	a	474	484	a	504	514	a	534	544	a	564	574	a	594
455	a	475	485	a	505	515	a	535	545	a	565	575	a	595
456	a	476	486	a	506	516	a	536	546	a	566	576	a	596
457	a	477	487	a	507	517	a	537	547	a	567	577	a	597
458	a	478	488	a	508	518	a	538	548	a	568	578	a	598
459	a	479	489	a	509	519	a	539	549	a	569	579	a	599
460	a	480	490	a	510	520	a	540	550	a	570	580	a	600
461	a	481	491	a	511	521	a	541	551	a	571	581	a	601
462	a	482	492	a	512	522	a	542	552	a	572	582	a	602
463	a	483	493	a	513	523	a	543	553	a	573	583	a	603
464	a	484	494	a	514	524	a	544	554	a	574	584	a	604
465	a	485	495	a	515	525	a	545	555	a	575	585	a	605
466	a	486	496	a	516	526	a	546	556	a	576	586	a	606
467	a	487	497	a	517	527	a	547	557	a	577	587	a	607
468	a	488	498	a	518	528	a	548	558	a	578	588	a	608
469	a	489	499	a	519	529	a	549	559	a	579	589	a	609
470	a	490	500	a	520	530	a	550	560	a	580	590	a	610
471	a	491	501	a	521	531	a	551	561	a	581	591	a	611
472	a	492	502	a	522	532	a	552	562	a	582	592	a	612
473	a	493	503	a	523	533	a	553	563	a	583	593	a	613
474	a	494	504	a	524	534	a	554	564	a	584	594	a	614
475	a	495	505	a	525	535	a	555	565	a	585	595	a	615
476	a	496	506	a	526	536	a	556	566	a	586	596	a	616
477	a	497	507	a	527	537	a	557	567	a	587	597	a	617
478	a	498	508	a	528	538	a	558	568	a	588	598	a	618
479	a	499	509	a	529	539	a	559	569	a	589	599	a	619
480	a	500	510	a	530	540	a	560	570	a	590	600	a	620

ES 2 383 716 T3

Figura 5e

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
601	a	621	631	a	651	661	a	681	691	a	711	721	a	741
602	a	622	632	a	652	662	a	682	692	a	712	722	a	742
603	a	623	633	a	653	663	a	683	693	a	713	723	a	743
604	a	624	634	a	654	664	a	684	694	a	714	724	a	744
605	a	625	635	a	655	665	a	685	695	a	715	725	a	745
606	a	626	636	a	656	666	a	686	696	a	716	726	a	746
607	a	627	637	a	657	667	a	687	697	a	717	727	a	747
608	a	628	638	a	658	668	a	688	698	a	718	728	a	748
609	a	629	639	a	659	669	a	689	699	a	719	729	a	749
610	a	630	640	a	660	670	a	690	700	a	720	730	a	750
611	a	631	641	a	661	671	a	691	701	a	721	731	a	751
612	a	632	642	a	662	672	a	692	702	a	722	732	a	752
613	a	633	643	a	663	673	a	693	703	a	723	733	a	753
614	a	634	644	a	664	674	a	694	704	a	724	734	a	754
615	a	635	645	a	665	675	a	695	705	a	725	735	a	755
616	a	636	646	a	666	676	a	696	706	a	726	736	a	756
617	a	637	647	a	667	677	a	697	707	a	727	737	a	757
618	a	638	648	a	668	678	a	698	708	a	728	738	a	758
619	a	639	649	a	669	679	a	699	709	a	729	739	a	759
620	a	640	650	a	670	680	a	700	710	a	730	740	a	760
621	a	641	651	a	671	681	a	701	711	a	731	741	a	761
622	a	642	652	a	672	682	a	702	712	a	732	742	a	762
623	a	643	653	a	673	683	a	703	713	a	733	743	a	763
624	a	644	654	a	674	684	a	704	714	a	734	744	a	764
625	a	645	655	a	675	685	a	705	715	a	735	745	a	765
626	a	646	656	a	676	686	a	706	716	a	736	746	a	766
627	a	647	657	a	677	687	a	707	717	a	737	747	a	767
628	a	648	658	a	678	688	a	708	718	a	738	748	a	768
629	a	649	659	a	679	689	a	709	719	a	739	749	a	769
630	a	650	660	a	680	690	a	710	720	a	740	750	a	770

ES 2 383 716 T3

Figura 5f

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
751	a	771	781	a	801	811	a	831	841	a	861	871	a	891
752	a	772	782	a	802	812	a	832	842	a	862	872	a	892
753	a	773	783	a	803	813	a	833	843	a	863	873	a	893
754	a	774	784	a	804	814	a	834	844	a	864	874	a	894
755	a	775	785	a	805	815	a	835	845	a	865	875	a	895
756	a	776	786	a	806	816	a	836	846	a	866	876	a	896
757	a	777	787	a	807	817	a	837	847	a	867	877	a	897
758	a	778	788	a	808	818	a	838	848	a	868	878	a	898
759	a	779	789	a	809	819	a	839	849	a	869	879	a	899
760	a	780	790	a	810	820	a	840	850	a	870	880	a	900
761	a	781	791	a	811	821	a	841	851	a	871	881	a	901
762	a	782	792	a	812	822	a	842	852	a	872	882	a	902
763	a	783	793	a	813	823	a	843	853	a	873	883	a	903
764	a	784	794	a	814	824	a	844	854	a	874	884	a	904
765	a	785	795	a	815	825	a	845	855	a	875	885	a	905
766	a	786	796	a	816	826	a	846	856	a	876	886	a	906
767	a	787	797	a	817	827	a	847	857	a	877	887	a	907
768	a	788	798	a	818	828	a	848	858	a	878	888	a	908
769	a	789	799	a	819	829	a	849	859	a	879	889	a	909
770	a	790	800	a	820	830	a	850	860	a	880	890	a	910
771	a	791	801	a	821	831	a	851	861	a	881	891	a	911
772	a	792	802	a	822	832	a	852	862	a	882	892	a	912
773	a	793	803	a	823	833	a	853	863	a	883	893	a	913
774	a	794	804	a	824	834	a	854	864	a	884	894	a	914
775	a	795	805	a	825	835	a	855	865	a	885	895	a	915
776	a	796	806	a	826	836	a	856	866	a	886	896	a	916
777	a	797	807	a	827	837	a	857	867	a	887	897	a	917
778	a	798	808	a	828	838	a	858	868	a	888	898	a	918
779	a	799	809	a	829	839	a	859	869	a	889	899	a	919
780	a	800	810	a	830	840	a	860	870	a	890	900	a	920

ES 2 383 716 T3

Figura 5g

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
901	a	921	931	a	951	961	a	981	991	a	1011	1021	a	1041
902	a	922	932	a	952	962	a	982	992	a	1012	1022	a	1042
903	a	923	933	a	953	963	a	983	993	a	1013	1023	a	1043
904	a	924	934	a	954	964	a	984	994	a	1014	1024	a	1044
905	a	925	935	a	955	965	a	985	995	a	1015	1025	a	1045
906	a	926	936	a	956	966	a	986	996	a	1016	1026	a	1046
907	a	927	937	a	957	967	a	987	997	a	1017	1027	a	1047
908	a	928	938	a	958	968	a	988	998	a	1018	1028	a	1048
909	a	929	939	a	959	969	a	989	999	a	1019	1029	a	1049
910	a	930	940	a	960	970	a	990	1000	a	1020	1030	a	1050
911	a	931	941	a	961	971	a	991	1001	a	1021	1031	a	1051
912	a	932	942	a	962	972	a	992	1002	a	1022	1032	a	1052
913	a	933	943	a	963	973	a	993	1003	a	1023	1033	a	1053
914	a	934	944	a	964	974	a	994	1004	a	1024	1034	a	1054
915	a	935	945	a	965	975	a	995	1005	a	1025	1035	a	1055
916	a	936	946	a	966	976	a	996	1006	a	1026	1036	a	1056
917	a	937	947	a	967	977	a	997	1007	a	1027	1037	a	1057
918	a	938	948	a	968	978	a	998	1008	a	1028	1038	a	1058
919	a	939	949	a	969	979	a	999	1009	a	1029	1039	a	1059
920	a	940	950	a	970	980	a	1000	1010	a	1030	1040	a	1060
921	a	941	951	a	971	981	a	1001	1011	a	1031	1041	a	1061
922	a	942	952	a	972	982	a	1002	1012	a	1032	1042	a	1062
923	a	943	953	a	973	983	a	1003	1013	a	1033	1043	a	1063
924	a	944	954	a	974	984	a	1004	1014	a	1034	1044	a	1064
925	a	945	955	a	975	985	a	1005	1015	a	1035	1045	a	1065
926	a	946	956	a	976	986	a	1006	1016	a	1036	1046	a	1066
927	a	947	957	a	977	987	a	1007	1017	a	1037	1047	a	1067
928	a	948	958	a	978	988	a	1008	1018	a	1038	1048	a	1068
929	a	949	959	a	979	989	a	1009	1019	a	1039	1049	a	1069
930	a	950	960	a	980	990	a	1010	1020	a	1040	1050	a	1070

ES 2 383 716 T3

Figura 5h

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
1051	a	1071	1081	a	1101	1111	a	1131	1141	a	1161	1171	a	1191
1052	a	1072	1082	a	1102	1112	a	1132	1142	a	1162	1172	a	1192
1053	a	1073	1083	a	1103	1113	a	1133	1143	a	1163	1173	a	1193
1054	a	1074	1084	a	1104	1114	a	1134	1144	a	1164	1174	a	1194
1055	a	1075	1085	a	1105	1115	a	1135	1145	a	1165	1175	a	1195
1056	a	1076	1086	a	1106	1116	a	1136	1146	a	1166	1176	a	1196
1057	a	1077	1087	a	1107	1117	a	1137	1147	a	1167	1177	a	1197
1058	a	1078	1088	a	1108	1118	a	1138	1148	a	1168	1178	a	1198
1059	a	1079	1089	a	1109	1119	a	1139	1149	a	1169	1179	a	1199
1060	a	1080	1090	a	1110	1120	a	1140	1150	a	1170	1180	a	1200
1061	a	1081	1091	a	1111	1121	a	1141	1151	a	1171	1181	a	1201
1062	a	1082	1092	a	1112	1122	a	1142	1152	a	1172	1182	a	1202
1063	a	1083	1093	a	1113	1123	a	1143	1153	a	1173	1183	a	1203
1064	a	1084	1094	a	1114	1124	a	1144	1154	a	1174	1184	a	1204
1065	a	1085	1095	a	1115	1125	a	1145	1155	a	1175	1185	a	1205
1066	a	1086	1096	a	1116	1126	a	1146	1156	a	1176	1186	a	1206
1067	a	1087	1097	a	1117	1127	a	1147	1157	a	1177	1187	a	1207
1068	a	1088	1098	a	1118	1128	a	1148	1158	a	1178	1188	a	1208
1069	a	1089	1099	a	1119	1129	a	1149	1159	a	1179	1189	a	1209
1070	a	1090	1100	a	1120	1130	a	1150	1160	a	1180	1190	a	1210
1071	a	1091	1101	a	1121	1131	a	1151	1161	a	1181	1191	a	1211
1072	a	1092	1102	a	1122	1132	a	1152	1162	a	1182	1192	a	1212
1073	a	1093	1103	a	1123	1133	a	1153	1163	a	1183	1193	a	1213
1074	a	1094	1104	a	1124	1134	a	1154	1164	a	1184	1194	a	1214
1075	a	1095	1105	a	1125	1135	a	1155	1165	a	1185	1195	a	1215
1076	a	1096	1106	a	1126	1136	a	1156	1166	a	1186	1196	a	1216
1077	a	1097	1107	a	1127	1137	a	1157	1167	a	1187	1197	a	1217
1078	a	1098	1108	a	1128	1138	a	1158	1168	a	1188	1198	a	1218
1079	a	1099	1109	a	1129	1139	a	1159	1169	a	1189	1199	a	1219
1080	a	1100	1110	a	1130	1140	a	1160	1170	a	1190	1200	a	1220

ES 2 383 716 T3

Figura 5i

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la														
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, ó														
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3														
1201	a	1221	1231	a	1251	1261	a	1281	1291	a	1311	1321	a	1341
1202	a	1222	1232	a	1252	1262	a	1282	1292	a	1312	1322	a	1342
1203	a	1223	1233	a	1253	1263	a	1283	1293	a	1313	1323	a	1343
1204	a	1224	1234	a	1254	1264	a	1284	1294	a	1314	1324	a	1344
1205	a	1225	1235	a	1255	1265	a	1285	1295	a	1315	1325	a	1345
1206	a	1226	1236	a	1256	1266	a	1286	1296	a	1316	1326	a	1346
1207	a	1227	1237	a	1257	1267	a	1287	1297	a	1317	1327	a	1347
1208	a	1228	1238	a	1258	1268	a	1288	1298	a	1318	1328	a	1348
1209	a	1229	1239	a	1259	1269	a	1289	1299	a	1319	1329	a	1349
1210	a	1230	1240	a	1260	1270	a	1290	1300	a	1320	1330	a	1350
1211	a	1231	1241	a	1261	1271	a	1291	1301	a	1321	1331	a	1351
1212	a	1232	1242	a	1262	1272	a	1292	1302	a	1322	1332	a	1352
1213	a	1233	1243	a	1263	1273	a	1293	1303	a	1323	1333	a	1353
1214	a	1234	1244	a	1264	1274	a	1294	1304	a	1324	1334	a	1354
1215	a	1235	1245	a	1265	1275	a	1295	1305	a	1325	1335	a	1355
1216	a	1236	1246	a	1266	1276	a	1296	1306	a	1326	1336	a	1356
1217	a	1237	1247	a	1267	1277	a	1297	1307	a	1327	1337	a	1357
1218	a	1238	1248	a	1268	1278	a	1298	1308	a	1328	1338	a	1358
1219	a	1239	1249	a	1269	1279	a	1299	1309	a	1329	1339	a	1359
1220	a	1240	1250	a	1270	1280	a	1300	1310	a	1330	1340	a	1360
1221	a	1241	1251	a	1271	1281	a	1301	1311	a	1331	1341	a	1361
1222	a	1242	1252	a	1272	1282	a	1302	1312	a	1332	1342	a	1362
1223	a	1243	1253	a	1273	1283	a	1303	1313	a	1333	1343	a	1363
1224	a	1244	1254	a	1274	1284	a	1304	1314	a	1334	1344	a	1364
1225	a	1245	1255	a	1275	1285	a	1305	1315	a	1335	1345	a	1365
1226	a	1246	1256	a	1276	1286	a	1306	1316	a	1336	1346	a	1366
1227	a	1247	1257	a	1277	1287	a	1307	1317	a	1337	1347	a	1367
1228	a	1248	1258	a	1278	1288	a	1308	1318	a	1338	1348	a	1368
1229	a	1249	1259	a	1279	1289	a	1309	1319	a	1339	1349	a	1369
1230	a	1250	1260	a	1280	1290	a	1310	1320	a	1340	1350	a	1370

ES 2 383 716 T3

Figura 5j

posiciones de los nucleótidos de 21 mers de un polinucleótido de codificación tipo OPR3 de la			
SEQ ID NO. 1, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, o			
una secuencia de polinucleótidos que codifica un homólogo tipo OPR3			
1351	a	1371	1381 a 1401
1352	a	1372	1382 a 1402
1353	a	1373	1383 a 1403
1354	a	1374	1384 a 1404
1355	a	1375	1385 a 1405
1356	a	1376	1386 a 1406
1357	a	1377	1387 a 1407
1358	a	1378	1388 a 1408
1359	a	1379	1389 a 1409
1360	a	1380	1390 a 1410
1361	a	1381	1391 a 1411
1362	a	1382	1392 a 1412
1363	a	1383	1393 a 1413
1364	a	1384	1394 a 1414
1365	a	1385	
1366	a	1386	
1367	a	1387	n-5 a n+15
1368	a	1388	n-4 a n+16
1369	a	1389	n-3 a n+17
1370	a	1390	n-2 a n+18
1371	a	1391	n-1 a n+19
1372	a	1392	n a n+20
1373	a	1393	
1374	a	1394	
1375	a	1395	
1376	a	1396	
1377	a	1397	
1378	a	1398	
1379	a	1399	
1380	a	1400	

n = número total de nucleótidos de la longitud completa de un polinucleótido de codificación del tipo OPR3 - 20

Por ejemplo:

n = 1390 (= 1410 - 20) para la SEQ ID NO: 1; n = 1171 (= 1191 - 20) para la SEQ ID NO: 7;

n = 1156 (= 1176 - 20) para la SEQ ID NO: 9; n = 1180 (= 1200 - 20) para las SEQ ID NOs: 11, 15, 17 y 27;

n = 1165 (= 1185 - 20) para la SEQ ID NO: 13; n = 742 (= 762 - 20) para la SEQ ID NO: 19;

n = 1183 (= 1203 - 20) para la SEQ ID NO: 21; n = 1171 (= 1191 - 20) para la SEQ ID NO: 23;

n = 1189 (= 1209 - 20) para la SEQ ID NO: 25; n = 1394 (= 1414 - 20) para la SEQ ID NO: 29