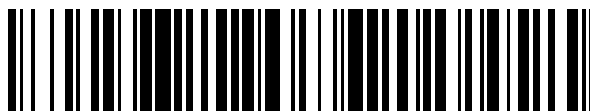


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 396 412**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **30.11.2009 E 09759964 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **26.09.2012 EP 2376635**

54 Título: **Resistencia a nematodos específicos de raíces de plantas**

30 Prioridad:

11.12.2008 US 201471 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
21.02.2013

73 Titular/es:

**BASF PLANT SCIENCE GMBH (100.0%)
67056 Ludwigshafen, DE**

72 Inventor/es:

MCCAIG, BONNIE

74 Agente/Representante:

CARVAJAL Y URQUIJO, Isabel

ES 2 396 412 T3

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

DESCRIPCIÓN

Resistencia a nematodos específicos de raíces de plantas

5 Esta solicitud reivindica el beneficio de prioridad de la solicitud de patente provisional estadounidense con número de serie 61/201.471, presentada el 11 de diciembre de 2008, cuyo contenido completo se incorpora en el presente documento como referencia.

Campo de la invención

La invención se refiere a la mejora de la productividad agrícola a través del uso de semillas y plantas transgénicas resistentes a nematodos, y a métodos de preparación de tales plantas y semillas.

Antecedentes de la invención

10 Los nematodos son gusanos redondos microscópicos que se alimentan de las raíces, las hojas y los tallos de más de 2.000 cultivos en hileras, vegetales, frutas y plantas ornamentales, provocando unas pérdidas estimadas en cultivos de 100.000 millones de \$ en todo el mundo. Una variedad de especies de nematodos parásitos infecta a plantas de cultivo, incluyendo nematodos del nódulo de la raíz (NNR), nematodos que forman quistes y nematodos que forman lesiones. Los nematodos del nódulo de la raíz, que se caracterizan por provocar la formación de agallas
15 en las raíces en sitios de alimentación, tienen un espectro de huésped relativamente amplio y por tanto son parásitos en un gran número de especies de cultivo. Las especies de nematodos que forman quistes y de nematodos que forman lesiones tienen un espectro de huésped más limitado, pero todavía provocan pérdidas considerables en cultivos susceptibles.

20 Los nematodos parásitos están presentes por todos los Estados Unidos, produciéndose las mayores concentraciones en las regiones templadas, húmedas del sur y el oeste y en suelos arenosos. El nematodo del quiste de la soja (*Heterodera glycines*), la plaga más grave de las plantas de soja, se descubrió por primera vez en los Estados Unidos en Carolina del Norte en 1954. Algunas zonas están tan fuertemente infestadas por el nematodo del quiste de la soja (NQS) que la producción de soja ya no es económicamente posible sin medidas de control. Aunque la soja es el principal cultivo económico atacado por NQS, NQS parasitiza unos cincuenta huéspedes en total, incluyendo cultivos de campo, vegetales, plantas ornamentales y malas hierbas.
25

30 Los signos del daño por nematodos incluyen crecimiento reducido y amarilleamiento de las hojas, y marchitamiento de las plantas durante los periodos cálidos. La infestación por nematodos, sin embargo, puede provocar pérdidas de rendimiento significativas sin ningún síntoma de enfermedad aéreo obvio. Las causas principales de la reducción del rendimiento se deben a daño en la raíz subterránea. Las raíces infectadas por NQS padecen enanismo o crecimiento reducido. La infestación por nematodos también puede disminuir el número de nódulos fijadores de nitrógeno en las raíces, y puede hacer que las raíces sean más susceptibles a ataques por otros nematodos de plantas transmitidos por el suelo.

35 El ciclo de vida de los nematodos tiene tres estadios principales: huevo, juvenil y adulto. El ciclo de vida varía entre especies de nematodos. El ciclo de vida de NQS es similar a los ciclos de vida de otros nematodos parásitos de plantas. El ciclo de vida de NQS puede completarse habitualmente en de 24 a 30 días en condiciones óptimas, mientras que otras especies pueden tardar tanto como un año, o más, en completar el ciclo de vida. Cuando los niveles de humedad y temperatura se vuelven favorables en la primavera, los juveniles con forma de gusano eclosionan de los huevos en el suelo. Sólo los nematodos en el estadio de desarrollo juvenil pueden infectar raíces de soja.

40 Tras penetrar en las raíces de soja, los juveniles de NQS se mueven a través de la raíz hasta que entran en contacto con el tejido vascular, momento en el que dejan de migrar y comienzan a alimentarse. Con un estilete, el nematodo inyecta secreciones que modifican determinadas células de la raíz y las transforman en sitios de alimentación especializados. Las células de la raíz se transforman morfológicamente en sincitios multinucleados grandes (o células gigantes en el caso de NNR), que se usan como fuente de nutrientes para los nematodos. Por tanto, los
45 nematodos que se alimentan de manera activa roban nutrientes esenciales de la planta dando como resultado pérdida de rendimiento. A medida de los nematodos hembra se alimentan, se hinchan y finalmente se hacen tan grandes que sus cuerpos rompen el tejido de la raíz y quedan expuestos en la superficie de la raíz.

50 Tras un periodo de alimentación, los NQS macho migran fuera de la raíz hacia el suelo y fertilizan las hembras adultas agrandadas. Los machos mueren entonces, mientras que las hembras permanecen unidas al sistema radicular y siguen alimentándose. Los huevos en las hembras hinchadas comienzan a desarrollarse, inicialmente en una masa o saco de huevos fuera del cuerpo, y entonces posteriormente dentro de la cavidad corporal del nematodo. Finalmente, toda la cavidad corporal de la hembra adulta se llena de huevos, y el nematodo muere. Es el cuerpo de la hembra muerta lleno de huevos lo que se denomina quiste. Finalmente, los quistes se desprenden y se

encuentran libres en el suelo. Las paredes del quiste se vuelven muy duras, proporcionando una excelente protección para los de aproximadamente 200 a 400 huevos contenidos dentro. Los huevos de NQS sobreviven dentro del quiste hasta que se producen las condiciones de eclosión apropiadas. Aunque muchos de los huevos pueden eclosionar en el plazo del primer año, muchos también sobrevivirán dentro de los quistes protectores durante varios años.

Un nematodo puede moverse a través del suelo sólo unas cuantas pulgadas al año con sus propias fuerzas. Sin embargo, la infestación por nematodos puede propagarse distancias sustanciales de una variedad de modos. Cualquier cosa que pueda moverse por suelos infestados puede propagar la infestación, incluyendo maquinaria agrícola, vehículos y herramientas, viento, agua, animales y trabajadores agrícolas. Partículas del suelo del tamaño de las semillas a menudo contaminan las semillas recogidas. En consecuencia, la infestación por nematodos puede propagarse cuando se plantan semillas contaminadas de campos infestados en campos no infestados. Incluso hay pruebas de que determinadas especies de nematodos pueden propagarse mediante aves. Sólo algunas de estas causas pueden prevenirse.

Las prácticas tradicionales para manejar la infestación por nematodos incluyen: mantener niveles apropiados de pH del suelo y nutrientes del suelo en tierra infestada por nematodos; controlar otras enfermedades de plantas, así como plagas de malas hierbas e insectos; usar prácticas de saneamiento tales como arado, plantación y cultivo de campos infestados por nematodos sólo tras trabajar en campos no infestados; limpiar el equipo meticulosamente con agua a alta presión o vapor tras trabajar en campos infestados; no usar semillas hechas crecer en tierra infestada para plantar campos no infestados a menos que la semilla se haya limpiado apropiadamente; rotar los campos infestados y alternar cultivos huésped con cultivos no huésped; usar nematicidas; y plantar variedades de plantas resistentes.

Se han propuesto métodos para la transformación genética de plantas con el fin de conferir un aumento de resistencia a nematodos parásitos de plantas. Por ejemplo, varios enfoques implican la transformación de plantas con ARN bicatenario que puede inhibir genes de nematodos esenciales. Otros enfoques de biotecnología agrícola proponen sobreexpresar genes que codifican para proteínas que son tóxicas para nematodos. Las patentes estadounidenses n.ºs 5.589.622 y 5.824.876 se refieren a la identificación de genes de plantas expresados específicamente en o adyacentes al sitio de alimentación de la planta tras la unión del nematodo.

El documento US 2009/0089896 da a conocer un promotor de un gen de tipo Mtn21 que se induce en sincitios de soja infectada por NQS. El documento WO 2008/077892 da a conocer un promotor de un gen de tipo peroxidasa que se induce en sincitios de soja infectada por NQS. El documento WO 2008/071726 da a conocer un promotor de un gen de tipo trehalosa-6-fosfato fosfatasa que se induce en sincitios de soja infectada por NQS. El documento WO 2008/095887 da a conocer un promotor de un gen de tipo Mtn3 que se induce en sincitios de soja infectada por NQS. El documento WO 2008/095888 da a conocer el promotor de un gen de tipo At5g12170 que se induce en sincitios de soja infectada por NQS.

Varias publicaciones de patente dan a conocer proféticamente y reivindican genéricamente plantas transgénicas que comprenden uno cualquiera o más de miles de genes de plantas y que tienen características agronómicas mejoradas. Los ejemplos de tales publicaciones incluyen los documentos US2004/0031072, US2006/0107345, US2004/0034888, US2004/0019927, US2004/0045049, US2004/0019927, US2006/0272060, W02005/5112608, US2006/0150283 y US2007/0214517. Se da a conocer la resistencia a patógenos, incluyendo la resistencia a nematodos, como una característica agronómica mejorada potencial de las plantas transgénicas descritas en estas publicaciones. Sin embargo, ninguna de estas publicaciones asocia específicamente ningún gen dado a conocer con resistencia a nematodos mejorada en plantas transgénicas que contienen el gen.

Las proteínas ricas en serina-arginina (ricas en SR) son reguladores clave de la expresión de genes de plantas, contribuyendo diversos miembros de la familia de genes al corte y empalme constitutivo de ARN, a la exportación nuclear, al mantenimiento de la estabilidad del ARNm y a la traducción de proteínas. Las proteínas SR están también implicadas en el corte y empalme de ARN alternativo, en el que se unen a secuencias de ARN específico y guían la formación de complejos de espliceosoma en sitios de corte y empalme débiles. Las familias de genes ricos en SR tienen poblaciones moderadas en plantas, encontrándose diversos subgrupos en aproximadamente cinco categorías basadas en motivos.

El gen de tipo AVR9-elicited_111 B es un factor de transcripción con homología de secuencia a 111 B ACRE (Avr9/Cf-9 rapidly elicited) de *Nicotiana tabacum* y DREB1A/CBF3 de *Arabidopsis*. En tabaco, el gen 111B ACRE es un activador transcripcional relacionado con patogénesis que se induce rápidamente en líneas que expresan el gen de resistencia Cf-9 en respuesta a Avr9 expresado por *Cladosporium fulvum*, un hongo biotrófico. En otras especies, los genes CBF3/DREB1 están implicados en la activación de la respuesta al estrés abiótico. La patente estadounidense n.º 7.345.217 da a conocer SEQ ID NO: 1408, un gen de tipo AVR9-elicited_111 B que se supone que es un homólogo de un ADN de *Arabidopsis thaliana* denominado G912. La patente estadounidense n.º 7.345.217 da a conocer genéricamente numerosas categorías de posibles utilidades para los miles de genes dados a conocer en la misma, y una de esas categorías se identifica como resistencia a enfermedades, incluyendo

resistencia a nematodos. Sin embargo, las únicas utilidades específicas propuestas en la patente estadounidense n.º 7.345.217 para G912 y sus homólogos son tolerancias mejoradas al frío, las heladas, la sequía y el estrés salino.

5 Los factores de transcripción hélice-bucle-hélice básica (bHLH) y de unión al elemento de respuesta a la deshidratación (DREB) son también moléculas reguladoras clave en plantas. Las funciones fisiológicas de algunos genes bHLH se han demostrado experimentalmente en plantas. Se sabe que los genes R y TT8 regulan la acumulación de antocianina en maíz y *Arabidopsis*, y otros genes bHLH interactúan con fitocromo y regulan la respuesta a la luz. Otros genes bHLH regulan la señalización por hormonas. El papel fisiológico de la mayoría de los genes bHLH de plantas es desconocido, sin embargo, hay poca conservación de secuencia entre miembros de la familia de genes bHLH fuera del dominio de firma bHLH central.

10 Las proteínas de tipo dirigente pertenecen a una familia génica grande, diversa que se encuentra en todos los grupos de plantas terrestres principales analizados hasta la fecha. Los genes que codifican para dirigente se agrupan en 5 subfamilias filogenéticas, Dir-A hasta Dir-E. Se ha mostrado que la subfamilia Dir-A, conjuntamente con oxidasas fenólicas, dirige el ensamblaje estereoespecífico de ligninas (componentes de la pared celular) y lignanos (antioxidantes de plantas y compuestos de defensa) en una gama de especies de plantas. La expresión de PsDIR1, un gen Dir-A de *Pisum sativa*, confiere resistencia a múltiples patógenos fúngicos en canola transgénica. Los genes de la subfamilia Dir-A se inducen mediante una amplia variedad de estreses, tales como heridas mecánicas, herbivorismo e infección fúngica. Las funciones bioquímicas específicas de genes de los subgrupos de proteínas Dir-B, Dir-C, Dir-D y Dir-E (tipo Dir) no están tan bien caracterizadas, aunque se mostró que genes de la subfamilia Dir-C se inducían mediante tratamiento con ácido jasmónico, ácido salicílico y alimentación por larvas de moscas de Hesse avirulentas.

Hasta la fecha, ninguna planta modificada genéticamente que comprenda un transgén que puede conferir resistencia a nematodos se ha desregulado en ningún país. Por consiguiente, sigue existiendo una necesidad de identificar composiciones seguras y eficaces y métodos para controlar nematodos parásitos de plantas usando biotecnología agrícola.

25 Sumario de la invención

Los presentes inventores han descubierto que la expresión de un transgén que comprende un polinucleótido que codifica para una proteína rica en serina-arginina, una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B, una proteína bHLH o una proteína de tipo dirigente en raíces puede hacer que plantas de soja sean resistentes a la infección por NQS. Por consiguiente, la descripción proporciona plantas transgénicas y semillas, y métodos para superar, o al menos aliviar, la infestación por nematodos de cultivos agrícolas valiosos.

35 La descripción proporciona un vector de expresión aislado que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en: a) un polinucleótido que codifica para una proteína rica en serina-arginina; b) un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B; c) un polinucleótido que codifica para una proteína hélice-bucle-hélice básica; y d) un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo dirigente.

40 La invención proporciona un método de preparación de una planta transgénica resistente a nematodos, comprendiendo el método las etapas de: a) proporcionar un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38; transformar una célula vegetal con el vector de expresión recombinante; c) regenerar plantas transgénicas a partir de la célula vegetal transformada; y d) seleccionar plantas transgénicas que demuestran una resistencia aumentada a la infección por nematodos parásitos de plantas en comparación con plantas de tipo natural que no comprenden el vector de expresión recombinante.

45 Aún en otra realización, la invención proporciona una planta transgénica resistente a nematodos que comprende un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína rica en serina-arginina que comprende aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38;

50 En otra realización, la invención proporciona una semilla que es una línea pura para un transgén que comprende un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38.

Breve descripción de los dibujos

Las figuras 1a-1b muestran la tabla de SEQ ID NO asignadas a genes y promotores correspondientes. SEQ ID NO

1, 37, 39 y 49 corresponden a secuencias de nucleótidos de *G. max.* de longitud completa para polinucleótidos que codifican para proteína rica en serina/arginina (SEQ ID NO: 1), proteína AVR9-elicited_111 B (SEQ ID NO: 37), proteína bHLH (SEQ ID NO: 39) y proteína de tipo dirigente (SEQ ID NO: 49), respectivamente. Se facilitan secuencias promotoras inducidas por sincitios en SEQ ID NO: 57 (promotor de tipo TPP de *A. thaliana*), SEQ ID NO: 58 (promotor de tipo MtN3 de *G. max*) y SEQ ID NO: 59 (promotor del locus At5g12170 de *A. thaliana*). El promotor de ubiquitina constitutivo denominado PcUbi4-2, de *P. crispum*, se facilita en SEQ ID NO: 60.

Las figuras 2a-2c muestran una alineación de aminoácidos de proteínas ricas en serina/arginina a modo de ejemplo realizada usando el paquete de software Vector NTI v10.3.0 (penalización por apertura de huecos = 10, penalización por extensión de huecos = 0,05, penalización por separación de huecos = 8).

10 La figura 3 muestra una alineación de aminoácidos de proteínas hélice-bucle-hélice básicas a modo de ejemplo realizadas usando el paquete de software Vector NTI v10.3.0 (penalización por apertura de huecos = 10, penalización por extensión de huecos = 0,05, penalización por separación de huecos = 8).

15 La figura 4 muestra una alineación de aminoácidos de proteínas de tipo dirigente a modo de ejemplo realizada usando el paquete de software Vector NTI v10.3.0 (penalización por apertura de huecos = 10, penalización por extensión de huecos = 0,05, penalización por separación de huecos = 8).

Descripción detallada de las realizaciones preferidas

20 La presente invención puede entenderse más fácilmente mediante referencia a la siguiente descripción detallada y los ejemplos incluidos en la misma. A lo largo de toda esta solicitud, se hace referencia a diversas publicaciones. Las descripciones de todas estas publicaciones y las referencias citadas dentro de estas publicaciones se incorporan por el presente documento en su totalidad mediante referencia en esta solicitud con el fin de describir más completamente el estado de la técnica a la que se refiere esta invención. La terminología usada en el presente documento es para el fin de describir realizaciones específicas sólo y no pretende ser limitativa. Tal como se usa en el presente documento, "un/uno" o "una" puede significar uno más, dependiendo del contexto en el que se usa. Por tanto, por ejemplo, la referencia a "una célula" puede significar que puede usarse al menos una célula. Tal como se usa en el presente documento, la palabra "o" significa un miembro cualquiera de una lista particular e incluye también cualquier combinación de miembros de esa lista.

30 Tal como se define en el presente documento, una "planta transgénica" es una planta que se ha alterado usando tecnología de ADN recombinante para que contenga un ácido nucleico aislado que de lo contrario no estaría presente en la planta. Tal como se usa en el presente documento, el término "planta" incluye una planta completa, células vegetales y partes de plantas. Las partes de plantas incluyen, pero no se limitan a, tallos, raíces, óvulos, estambres, hojas, embriones, regiones meristemáticas, tejido calloso, gametofitos, esporofitos, polen, microsporas, y similares. La planta transgénica tal como se da a conocer en el presente documento puede ser estéril masculina o fértil masculina, y puede incluir además transgenes distintos de los que comprenden los polinucleótidos aislados descritos en el presente documento.

35 Tal como se define en el presente documento, el término "ácido nucleico" y "polinucleótido" son intercambiables y se refieren a ARN o ADN que es lineal o ramificado, mono o bicatenario, o un híbrido de los mismos. El término también abarca híbridos de ARN/ADN. Una molécula de ácido nucleico "aislada" es una que está sustancialmente separada de las otras moléculas de ácido nucleico que están presentes en la fuente natural del ácido nucleico (es decir, secuencias que codifican para otros polipéptidos). Por ejemplo, un ácido nucleico clonado se considera aislado. Un ácido nucleico también se considera aislado si se ha alterado por la intervención humana, o colocado en un locus o ubicación que no es su sitio natural, o si se introduce en una célula mediante transformación. Además, una molécula de ácido nucleico aislada, tal como una molécula de ADNc, puede estar libre de algunos de los otros materiales celulares con los que está asociada de manera natural, o medio de cultivo cuando se produce mediante técnicas recombinantes, o precursores químicos u otros productos químicos cuando se sintetiza químicamente. Aunque puede abarcar opcionalmente una secuencia no traducida ubicada en ambos extremos 3' y 5' de la región codificante de un gen, puede ser preferible eliminar las secuencias que flanquean de manera natural la región codificante en su replicón que se produce de manera natural.

50 El término "gen" se usa de manera amplia para referirse a cualquier segmento de ácido nucleico asociado con una función biológica. Por tanto, los genes incluyen intrones y exones como en una secuencia genómica, o sólo las secuencias codificantes como en ADNc y/o las secuencias reguladoras requeridas para su expresión. Por ejemplo, gen se refiere a un fragmento de ácido nucleico que expresa ARNm o ARN funcional, o que codifica para una proteína específica, y que incluye secuencias reguladoras.

Los términos "polipéptido" y "proteína" se usan de manera intercambiable en el presente documento para referirse a un polímero de residuos de aminoácido consecutivos.

Los términos “operativamente unido” y “en asociación operativa con” son intercambiables y tal como se usan en el presente documento se refieren a la asociación de polinucleótidos aislados en un único fragmento de ácido nucleico de modo que la función de un polinucleótido aislado se ve afectada por el otro polinucleótido aislado. Por ejemplo, un ADN regulador se dice que está “operativamente unido a” un ADN que expresa un ARN o que codifica para un polipéptido si los dos ADN están situados de manera que el ADN regulador afecta a la expresión del ADN codificante.

El término “promotor” tal como se usa en el presente documento se refiere a una secuencia de ADN que, cuando está ligada a una secuencia de nucleótidos de interés, puede controlar la transcripción de la secuencia de nucleótidos de interés en ARNm. Un promotor está normalmente, aunque no necesariamente, ubicado en 5' (por ejemplo, en el sentido de 5') con respecto a un nucleótido de interés (por ejemplo, de manera proximal al sitio de iniciación de la transcripción de un gen estructural) cuya transcripción en ARNm controla, y proporciona un sitio para la unión específica por ARN polimerasa y otros factores de transcripción para la iniciación de la transcripción.

El término “elemento regulador de la transcripción” tal como se usa en el presente documento se refiere a un polinucleótido que puede regular la transcripción de un polinucleótido operativamente unido. Incluye, pero no se limita a, promotores, potenciadores, intrones, UTR en 5' y UTR en 3'.

Tal como se usa en el presente documento, el término “vector” se refiere a una molécula de ácido nucleico que puede transportar otro ácido nucleico al que se ha unido. Un tipo de vector es un “plásmido”, que se refiere a un bucle de ADN bicatenario circular en el que pueden ligarse segmentos de ADN adicionales. En la presente memoria descriptiva, “plásmido” y “vector” pueden usarse de manera intercambiable ya que el plásmido es la forma de vector más comúnmente usada. Un vector puede ser un vector binario o un ADN-T que comprende el borde izquierdo y el borde derecho y puede incluir un gen de interés entremedias. El término “vector de expresión” es intercambiable con el término “transgén” tal como se usa en el presente documento y significa un vector que puede dirigir la expresión de un nucleótido particular en una célula huésped apropiada. La expresión del nucleótido puede ser sobreexpresión. Un vector de expresión comprende un elemento de ácido nucleico regulador operativamente unido a un ácido nucleico de interés, que opcionalmente está operativamente unido a una señal de terminación y/u otro elemento regulador.

El término “homólogos” tal como se usa en el presente documento se refiere a un gen relacionado con un segundo gen por descendencia de una secuencia de ADN ancestral común. El término “homólogo” puede aplicarse a la relación entre genes separados por el acontecimiento de especialización (por ejemplo, ortólogos) o a la relación entre genes separados por el acontecimiento de duplicación genética (por ejemplo, parálogos).

Tal como se usa en el presente documento, el término “ortólogos” se refiere a genes de especies diferentes, pero que han evolucionado a partir de un gen ancestral común por especialización. Los ortólogos conservan la misma función en el transcurso de la evolución. Los ortólogos codifican para proteínas que tienen funciones iguales o similares. Tal como se usa en el presente documento, el término “parálogos” se refiere a genes que están relacionados por duplicación dentro de un genoma. Los parálogos tienen habitualmente funciones diferentes o nuevas funciones, aunque estas funciones pueden estar relacionadas.

El término “región conservada” o “dominio conservado” tal como se usa en el presente documento se refiere a una región en secuencias polipeptídicas o polinucleotídicas heterólogas en las que hay un grado relativamente alto de identidad de secuencia entre las distintas secuencias. La “región conservada” puede identificarse, por ejemplo, a partir de la alineación de secuencias múltiples usando el algoritmo Clustal W.

El término “célula” o “célula vegetal” tal como se usa en el presente documento se refiere a una única célula, y también incluye una población de células. La población puede ser una población pura que comprende un tipo de células. Asimismo, la población puede comprender más de un tipo de células. Una célula vegetal puede estar aislada (por ejemplo, en cultivo en suspensión) o comprendida en un tejido vegetal, órgano vegetal o planta en cualquier estadio de desarrollo.

El término “línea pura” tal como se usa en el presente documento se refiere a una variedad de planta para un rasgo particular si es genéticamente homocigota para ese rasgo hasta el grado de que, cuando la variedad de línea pura se autopoliniza, no se observa una cantidad significativa de segregación independiente del rasgo entre la progenie.

El término “segregante nulo” tal como se usa en el presente documento se refiere a una progenie (o líneas derivadas de la progenie) de una planta transgénica que no contiene el transgén debido a segregación mendeliana.

El término “tipo natural” tal como se usa en el presente documento se refiere a una célula vegetal, semilla, componente vegetal, tejido vegetal, órgano vegetal o planta completa que no se ha tratado o modificado genéticamente en un sentido experimental.

El término "planta control" tal como se usa en el presente documento se refiere a una célula vegetal, un explante, una semilla, un componente vegetal, un tejido vegetal, un órgano vegetal o una planta completa usada para comparar frente a la planta modificada genéticamente o transgénica para el fin de identificar un fenotipo potenciado o un rasgo deseable en la planta modificada genéticamente o transgénica. Una "planta control" puede ser en algunos casos una línea vegetal transgénica que comprende un vector vacío o marcador génico, pero que no contiene el polinucleótido recombinante de interés que está presente en la planta modificada genéticamente o transgénica que está evaluándose. Una planta control puede ser una planta de la misma línea o variedad que la planta modificada genéticamente o transgénica que está sometiéndose a prueba, o puede ser otra línea o variedad, tal como una planta que se sabe que tiene un fenotipo específico, característico o genotipo conocido. Una planta control adecuada incluiría una planta no transgénica o no alterada genéticamente de la línea original usada para generar una planta transgénica en el presente documento.

El término "sitio de sincitios" tal como se usa en el presente documento se refiere al sitio de alimentación formado en raíces de plantas tras la infestación por nematodos. El sitio de usa como fuente de nutrientes para los nematodos. Un sincitio es el sitio de alimentación para nematodos de quistes y las células gigantes son los sitios de alimentación de los nematodos del nódulo de la raíz.

Se da a conocer además un vector de expresión aislado que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en: a) un polinucleótido que codifica para una proteína rica en serina-arginina; b) un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B; c) un polinucleótido que codifica para una proteína hélice-bucle-hélice básica; y d) un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo dirigente.

Puede emplearse cualquier promotor específico de raíz en el vector de expresión de la invención. Los promotores específicos de raíz a modo de ejemplo incluyen, sin limitación, el promotor derivado del gen de nicotianamina sintetasa de maíz (documento US 20030131377) y el promotor RCC3 de arroz (documento US 11/075.113). De particular utilidad son promotores específicos de raíz inducidos en sitios de alimentación de nematodos (es decir, sincitios). Preferiblemente, pueden emplearse el promotor inducible por nematodos de tipo Mtn3 dado a conocer en el documento WO 2008/095887, el promotor de tipo Mtn21 inducible por nematodos dado a conocer en el documento US 2009/0089896, el promotor de tipo peroxidasa inducible por nematodos dado a conocer en el documento WO 2008/077892, el promotor de tipo trehalosa-6-fosfato fosfatasa inducible por nematodos dado a conocer en el documento WO 2008/071726 y el promotor de tipo At5g12170 inducible por nematodos dado a conocer en el documento WO 2008/095888 en el vector de expresión dado a conocer.

Puede emplearse cualquier polinucleótido que codifica para una proteína rica en serina-arginina en el vector expresión aislado de la invención. Preferiblemente, el polinucleótido codifica para una proteína rica en serina-arginina seleccionada del grupo que consiste en un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 253 de SEQ ID NO: 2; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 249 de SEQ ID NO: 4; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 247 de SEQ ID NO: 6; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 249 de SEQ ID NO: 8; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 249 de SEQ ID NO: 10; un polipéptido que comprende aminoácidos 1 a 245 de SEQ ID NO: 12; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 240 de SEQ ID NO: 14; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 261 de SEQ ID NO: 16; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 280 de SEQ ID NO: 18; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 248 de SEQ ID NO: 20; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 252 de SEQ ID NO: 22; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 265 de SEQ ID NO: 24; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 263 de SEQ ID NO: 26; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 220 de SEQ ID NO: 28; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 220 de SEQ ID NO: 30; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 263 de SEQ ID NO: 32; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 218 de SEQ ID NO: 34; y un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 245 de SEQ ID NO: 36. Más preferiblemente, el polinucleótido codifica para una proteína rica en serina-arginina que comprende los aminoácidos 1 a 253 de SEQ ID NO: 2.

Puede emplearse cualquier polinucleótido que codifica para una proteína AVR9-elicited_111 B en el vector de expresión aislado de la invención. Preferiblemente, la proteína AVR9-elicited_111 B comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38.

Puede emplearse cualquier polinucleótido que codifica para una proteína hélice-bucle-hélice básica en el vector de expresión aislado. Preferiblemente, la proteína hélice-bucle-hélice básica se selecciona del grupo que consiste en un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 231 de SEQ ID NO: 40; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 42; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 232 de SEQ ID NO: 44; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 233 de SEQ ID NO: 46; y un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 260 de SEQ ID NO: 48. Más preferiblemente, la proteína hélice-bucle-hélice básica comprende los aminoácidos 1 a 231 de SEQ ID NO: 40.

Puede emplearse cualquier polinucleótido que codifica para una proteína de tipo dirigente en el vector de expresión aislado. Preferiblemente, la proteína de tipo dirigente se selecciona del grupo que consiste en un polipéptido que

comprende los aminoácidos 1 a 191 de SEQ ID NO: 50; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 191 de SEQ ID NO: 52; un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 189 de SEQ ID NO: 54; y un polipéptido que comprende los aminoácidos 1 a 189 de SEQ ID NO: 56. Más preferiblemente, la proteína de tipo dirigente comprende los aminoácidos 1 a 191 de SEQ ID NO: 50.

5 El vector de expresión aislado se emplea en un método de preparación de una planta transgénica resistente a nematodos, comprendiendo el método las etapas de: a) proporcionar el vector de expresión recombinante descrito anteriormente b) transformar una célula vegetal con el vector de expresión recombinante; c) regenerar plantas transgénicas a partir de la célula vegetal transformada; y d) seleccionar plantas transgénicas que demuestran una resistencia aumentada a la infección por nematodos parásitos de plantas en comparación con plantas de tipo natural que no comprenden el vector de expresión recombinante.

10 Se conocen una variedad de métodos para introducir polinucleótidos en el genoma de plantas y para la regeneración de plantas a partir de tejidos vegetales o células vegetales en, por ejemplo, Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), capítulo 6/7, págs. 71-119 (1993); White FF (1993) Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; Transgenic Plants, vol. 1, Engineering and Utilization, Ed.: Kung y Wu R, Academic Press, 15-38; Jenes B *et al.* (1993) Techniques for Gene Transfer; Transgenic Plants, vol. 1, Engineering and Utilization, Ed.: Kung y R. Wu, Academic Press, págs. 128-143; Potrykus (1991) Annu Rev Plant Physiol Plant Molec Biol 42:205-225; Halford NG, Shewry PR (2000) Br Med Bull 56(1):62-73.

15 Los métodos de transformación pueden incluir métodos de transformación directos e indirectos. Los métodos directos adecuados incluyen captación de ADN inducida por polietilenglicol, transformación mediada por liposomas (documento US 4.536.475), métodos biolísticos usando la pistola génica (Fromm ME *et al.*, Bio/Technology. 8(9):833-9, 1990; Gordon-Kamm *et al.* Plant Cell 2:603, 1990), electroporación, incubación de embriones secos en disolución que comprende ADN y microinyección. En el caso de estos métodos de transformación directos, los plásmidos usados no necesitan cumplir ningún requisito particular. Pueden usarse plásmidos sencillos, tales como los de la serie pUC, pBR322, serie M13mp, pACYC184 y similares. Si van a regenerarse plantas intactas a partir de las células transformadas, se ubica preferiblemente en el plásmido un gen marcador seleccionable adicional. Las técnicas de transformación directas son igualmente adecuadas para plantas dicotiledóneas y monocotiledóneas.

20 La transformación puede llevarse a cabo también mediante infección bacteriana por medio de *Agrobacterium* (por ejemplo documento EP 0 116 718), infección viral por medio de vectores virales (documento EP 0 067 553; documento US 4.407.956; documento WO 95/34668; documento WO 93/03161) o por medio de polen (documento EP 0 270 356; documento WO 85/01856; documento US 4.684.611). Se conocen bien en la técnica técnicas de transformación basadas en *Agrobacterium* (especialmente para plantas dicotiledóneas). La cepa de *Agrobacterium* (por ejemplo, *Agrobacterium tumefaciens* o *Agrobacterium rhizogenes*) comprende un plásmido (plásmido Ti o Ri) y un elemento de ADN-T que se transfiere a la planta tras la infección con *Agrobacterium*. El ADN-T (ADN transferido) se integra en el genoma de la célula vegetal. El ADN-T puede estar localizado en el plásmido Ri o Ti o está comprendido por separado en un denominado vector binario. Se describen métodos para la transformación mediada por *Agrobacterium*, por ejemplo, en Horsch RB *et al.* (1985) Science 225: 1229. Se describe la transformación de plantas mediante agrobacterias en, por ejemplo, White FF, 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, págs. 15 - 38; Jenes B *et al.* Techniques for Gene Transfer, Transgenic Plants, vol. 1, Engineering and Utilization, editado por S.D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, págs. 128-143; Potrykus (1991) Annu Rev Plant Physiol Plant Molec Biol 42:205-225.

25 Los nucleótidos descritos en el presente documento pueden transformarse directamente en el genoma del plástido. La expresión de plástidos, en los que se insertan genes mediante recombinación homóloga en los varios miles de copias del genoma del plástido circular presente en cada célula vegetal, se aprovecha de la enorme ventaja en números de copias con respecto a genes de expresión nuclear para permitir altos niveles de expresión. En un aspecto, los nucleótidos se insertan en un vector que selecciona como diana un plástido y se transforman en el genoma del plástido de un huésped vegetal deseado. Se obtienen plantas homoplásmicas para genomas de plástidos que contienen las secuencias de nucleótidos, y preferentemente pueden producir una alta expresión de los nucleótidos. La tecnología de transformación de plástidos se describe de manera extensa por ejemplo en las patentes estadounidenses n.ºs 5.451.513, 5.545.817, 5.545.818 y 5.877.462, en los documentos WO 95/16783 y WO 97/32977, y en McBride *et al.* (1994) PNAS 91, 7301-7305.

30 El método descrito anteriormente produce otra realización de la invención, una planta transgénica resistente a nematodos que comprende un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38. Las plantas transgénicas de la invención pueden usarse para controlar la infestación de un cultivo por un nematodo parásito de plantas.

35 Se da a conocer además un método de mejora genética de plantas, por ejemplo, para preparar una planta transgénica fértil cruzada. Las plantas transgénicas tal como se dan a conocer en el presente documento pueden

5 cruzarse con plantas transgénicas similares o con plantas transgénicas que carecen de los ácidos nucleicos de la invención o con plantas no transgénicas, usando métodos conocidos de mejora genética de plantas, para preparar semillas. Además, la planta transgénica tal como se da a conocer en el presente documento puede comprender, y/o puede cruzarse con, otra planta transgénica que comprende uno o más ácidos nucleicos, creando por tanto una "pila" de transgenes en la planta y/o su progenie. La semilla se planta entonces para obtener una planta transgénica fértil cruzada que comprende el vector de expresión. La planta transgénica fértil cruzada puede tener el vector de expresión heredado a través de un antecesor femenino o a través de un antecesor masculino. La segunda planta puede ser una planta consanguínea. La planta transgénica fértil cruzada puede ser un híbrido.

10 También puede lograrse el "apilamiento de genes" transfiriendo dos o más genes al núcleo celular mediante transformación de plantas. Pueden introducirse múltiples genes en el núcleo celular durante la transformación o bien secuencialmente o bien al unísono. Según la invención, pueden apilarse múltiples genes que codifican para proteínas ricas en serina-arginina, de tipo AVR9-elicited_111 B, bHLH y de tipo dirigente para proporcionar resistencia a nematodos potenciada. Estas combinaciones apiladas pueden crearse mediante cualquier método incluyendo pero sin limitarse a fecundación cruzada de plantas mediante métodos convencionales o mediante transformación genética. Si los rasgos se apilan mediante transformación genética, los genes de proteínas ricas en serina-arginina, de tipo AVR9-elicited_111 B, bHLH y de tipo dirigente pueden combinarse de cualquier manera. Por ejemplo, si van a introducirse 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 dirigirse mediante promotores iguales o diferentes.

20 Las plantas transgénicas descritas anteriormente producen aún otra realización de la invención, una semilla que es una línea pura para un transgén que comprende el vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111 B que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38. Las semillas transgénicas tal como se dan a conocer en el presente documento pueden usarse para controlar la infestación de un cultivo por un nematodo parásito de plantas.

30 Se enumeran plantas de cultivo y nematodos parásitos correspondientes en Index of Plant Diseases in the United States (Manual del Departamento de Agricultura de los EE.UU. n.º 165, 1960); Distribution of Plant-Parasitic Nematode Species in North America (Society of Nematologists, 1985); y Fungi on Plants and Plant Products in the United States (American Phytopathological Society, 1989). Por ejemplo, los nematodos parásitos de plantas que se seleccionan como diana incluyen, sin limitación, nematodos de quistes y nematodos del nódulo de la raíz. Los nematodos parásitos de plantas específicos que se seleccionan como diana incluyen, sin limitación, *Heterodera glycines*, *Heterodera schachtii*, *Heterodera avenae*, *Heterodera oryzae*, *Heterodera cajani*, *Heterodera trifolii*, *Globodera pallida*, *G. rostochiensis* o *Globodera tabacum*, *Meloidogyne incognita*, *M. arenaria*, *M. hapla*, *M. javanica*, *M. naasi*, *M. exigua*, *Ditylenchus dipsaci*, *Ditylenchus angustus*, *Radopholus similis*, *Radopholus citrophilus*, *Helicotylenchus multicinctus*, *Pratylenchus coffeae*, *Pratylenchus brachyurus*, *Pratylenchus vulnus*, *Pratylenchus curvatus*, *Paratylenchus zaeae*, *Rotylenchulus reniformis*, *Paratrichodorus anemones*, *Paratrichodorus minor*, *Paratrichodorus christiei*, *Anguina tritici*, *Biddera avenae*, *Subanguina radiculicola*, *Hoplolaimus seinhorsti*, *Hoplolaimus Columbus*, *Hoplolaimus galeatus*, *Tylenchulus semipenetrans*, *Hemicycliophora arenaria*, *Rhadinaphelenchus cocophilus*, *Belonolaimus longicaudatus*, *Trichodorus primitivus*, *Nacobbus aberrans*, *Aphelenchoides besseyi*, *Hemicriconemoides kanayaensis*, *Tylenchorhynchus claytoni*, *Xiphinema americanum*, *Cacopaurus pestis*, *Heterodera zaeae*, *Heterodera filipjevi* y similares.

45 Las plantas que pueden hacerse resistentes a nematodos incluyen plantas monocotiledóneas y plantas dicotiledóneas. Las plantas resistentes a nematodos producidas incluyen, sin limitación, maíz, trigo, arroz, cebada, avena, centeno, sorgo, banana y raigrás. La planta puede ser de un género seleccionado del grupo que consiste en guisante, alfalfa, soja, zanahoria, apio, tomate, patata, algodón, tabaco, pimiento, colza, remolacha, repollo, coliflor, brócoli, lechuga, *A. thaliana*, y similares.

La invención se ilustra adicionalmente mediante los siguientes ejemplos, que no deben interpretarse de ningún modo que imponen limitaciones al alcance de la misma.

Ejemplo 1: Construcción de vectores

50 Usando un enfoque de bioinformática, se identificó que cuatro genes de soja, TA52573_3847 (SEQ ID NO: 3), AVR9-elicited_111B (SEQ ID NO: 37), GmbHLH_47172355 (SEQ ID NO: 39) y GmDirigent_59580836 (SEQ ID NO: 49) estaban regulados por disminución en sincitios de raíces de soja infectadas por NQS, en comparación con tejido radicular no infectado. Tal como se describe en el presente documento, el gen designado TA52573_3847 SEQ ID NO: 3 codifica para una proteína rica en serina-arginina. El gen GmSerine-Arginine-rich (SEQ ID NO: 1) empleado en los vectores de expresión aislados descritos a continuación codifica para una proteína que tiene una identidad de secuencia del 93% con TA52573_3847 (SEQ ID NO: 3).

Se usaron el promotor de ubiquitina constitutivo de perejil (documento WO 2003/102198; SEQ ID NO: 60, designado

PcUbi4), el promotor de tipo MtN3 inducible por nematodos de soja (documento WO 2008/095887, SEQ ID NO: 58), el promotor de tipo TPP inducible por nematodos de *Arabidopsis* (documento WO 2008/071726, SEQ ID NO: 57) y el promotor Super constitutivo (véase el documento US 5955.646) en la preparación de los constructos descritos en la tabla 1 a continuación.

5

Tabla 1

Nombre del vector	Promotor	Nombre del gen	SEQ ID NO: de genes
RBM024	PcUbi4	GmSerine-Arginine-rich	SEQ ID NO: 1
RBM036	De tipo MtN3	GmSerine-Arginine-rich	SEQ ID NO: 1
RBM019	PcUbi4	AVR9-elicited_111B	SEQ ID NO: 37
RBM031	De tipo MtN3	AVR9-elicited_111B	SEQ ID NO: 37
RTP1124	Super	AVR9-elicited_111B	SEQ ID NO: 37
RTP1125	De tipo TPP	AVR9-elicited_111B	SEQ ID NO: 37
RTP1126	PcUbi4	GmbHLH_47172355	SEQ ID NO: 39
RTP1127	De tipo MtN3	GmbHLH_47172355	SEQ ID NO: 39
RTP1086	PcUbi4	GmDirigent_59580836	SEQ ID NO: 49
RTP1090	De tipo MtN3	GmDirigent_59580836	SEQ ID NO: 49

10

Los vectores de expresión también comprendían la forma mutada del gen de selección de acetohidroxiácido sintasa (AHAS) descrito en el documento WO 2008/124495, que confiere resistencia al herbicida ARSENAL (imazapir, BASF Corporation, Mount Olive, NJ). La expresión de AHAS2 se dirigió mediante el promotor de ubiquitina de perejil (SEQ ID NO: 60).

Ejemplo 2: Bioensayo de nematodos

15

20

25

30

Se realizó un bioensayo para evaluar la resistencia a nematodos conferida por los polinucleótidos descritos en el presente documento usando un sistema de ensayo de plantas enraizadas dado a conocer en la solicitud de patente en tramitación junto con la presente de propiedad conjunta 12/001.234. Se generan raíces transgénicas tras la transformación con los vectores binarios descritos en el ejemplo 1. Se subcultivan múltiples líneas de raíces transgénicas y se inoculan con juveniles en segundo estadio (J2) de NQS de raza 3 con la superficie descontaminada al nivel de aproximadamente 500 J2/pocillo. Cuatro semanas después de la inoculación de nematodos, se cuenta el número de quistes en cada pocillo. Para cada constructo de transformación, se calcula el número de quistes por línea para determinar el recuento de quistes promedio y el error estándar para el constructo. Se comparan los valores de recuento de quistes para cada constructo de transformación con los valores de recuento de quistes de un control de vector vacío sometido a prueba en paralelo para determinar si el constructo sometido a prueba da como resultado una reducción en el recuento de quistes. Cultivos de explantes enraizados transformados con los vectores RBM024, RBM036, RBM019, RBM031, RTP1124, RTP1125, RTP1126, RTP1127 y RTP1090 presentaban una tendencia general de una reducción de los números de quistes e índice de hembras en relación con la variedad susceptible conocida, Williams82. Raíces transgénicas que expresaban el gen GmDirigent_59580836 regulado por el promotor PcUbi4 constitutivo (vector RTP1086) no mostraban reducción de los recuentos de quistes en relación con líneas control. Algunas líneas de raíz que expresaban de manera constitutiva el gen GmSerine-Arginine-rich con el promotor PcUbi4 desarrollaron parches de color marrón oscuro. La localización de los parches de color marrón oscuro variaba entre líneas de raíces transgénicas, limitándose en algunos casos a células individuales dispersadas, o zonas de surgimiento de raíces laterales o extendiéndose completamente a lo largo de la longitud de raíces más antiguas. Raíces transgénicas que sobreexpresaban el gen AVR9-elicited_111 B regulado por el promotor PcUbi4 constitutivo (RBM019) o el promotor Super constitutivo (RTP1124) desarrollaron raíces más gruesas y más cortas y números reducidos de raíces laterales en relación con líneas control.

Lista de secuencias

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> RESISTENCIA A NEMATODOS ESPECÍFICOS DE RAÍCES DE PLANTAS

<130> PF61259 - 15242

5 <140> Documento USSN 61/201.471

<141> 11-12-2008

<160> 60

<170> Patente In versión 3.4

<210> 1

10 <211> 762

<212> ADN

<213> *Glycine max*

<400> 1

```

atgagaggaa ggagctatag tccatcgct cctcctccac gttacagcag aagaggagga      60
gggaggagtc ccagccctag gggccgctat cctccccgtc cccgacaaca agatctccct    120
accagccttc ttgttcgtaa ccttcgctcat gactgtaggc ctgaggatct tcgcagacct    180
tttgggtcaat ttgggtcctct caaggacatt taccttccta aggattacta cactggagaa    240
ccccgtggct ttgggttttgt ccaatttgtg gatcctgcgg atgctgctga tgccaaatat    300
catatggatg gtcaagttct tcttggtcgg gagctcactg ttgtttttgc tgaagagaat    360
agaaagaagc caactgagat gaggacaaga gagagaaggg gtcgattttc tgatcgtagg    420
aggtctcctc ctcgttactc tcgttcacct cgctactctc gttcacctcg ctactctcgg    480
tctccaccac cacgtcatag atctcgttct cacagtcgtg actattattc tcctaaacga    540
agggagtatt caagatctgt ctcccctgag ggtagaaggc acagtcgaga aagatcatat    600
tcacagcata atagagagag gtcattctca cgttccccac cttataatgg gggctcaagg    660
agccgtagtc agagtccagc aaagggccca ggccggagca ggagtccgag tctgaatcga    720
gatgaaaggg aaccagcccg aggtaggtcc cctagtcagt ga                          762

```

15 <210> 2

<211> 253

<212> PRT

<213> *Glycine max*

ES 2 396 412 T3

<400> 2

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Pro Pro Arg Tyr Ser
1 5 10 15

Arg Arg Gly Gly Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Pro Pro
 20 25 30

Arg Pro Arg Gln Gln Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu

ES 2 396 412 T3

35 40 45

Arg His Asp Cys Arg Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe
50 55 60

Gly Pro Leu Lys Asp Ile Tyr Leu Pro Lys Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu
65 70 75 80

Pro Arg Gly Phe Gly Phe Val Gln Phe Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala
85 90 95

Asp Ala Lys Tyr His Met Asp Gly Gln Val Leu Leu Gly Arg Glu Leu
100 105 110

Thr Val Val Phe Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg
115 120 125

Thr Arg Glu Arg Arg Gly Arg Phe Ser Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro
130 135 140

Arg Tyr Ser Arg Ser Pro Arg Tyr Ser Arg Ser Pro Arg Tyr Ser Arg
145 150 155 160

Ser Pro Pro Pro Arg His Arg Ser Arg Ser His Ser Arg Asp Tyr Tyr
165 170 175

Ser Pro Lys Arg Arg Glu Tyr Ser Arg Ser Val Ser Pro Glu Gly Arg
180 185 190

Arg Tyr Ser Arg Glu Arg Ser Tyr Ser Gln His Asn Arg Glu Arg Ser
195 200 205

Phe Ser Arg Ser Pro Pro Tyr Asn Gly Gly Ser Arg Ser Arg Ser Gln
210 215 220

Ser Pro Ala Lys Gly Pro Gly Arg Ser Arg Ser Pro Ser Leu Asn Arg
225 230 235 240

Asp Glu Arg Glu Pro Ala Arg Gly Arg Ser Pro Ser Gln
245 250

<210> 3

<211> 750

ES 2 396 412 T3

<212> ADN

<213> *Glycine max*

<400> 3

atgagaggaa ggagctatag tccatcgctt cctccacgcc acagcagaag aggaggagga 60
gggaggagtc ccagccccag gggccgctat cctccccgtc ccagacaaca agatctccct 120
accagccttc ttgtccgtaa ccttcgctat gactgtaggc ctgaggatct acgccgacct 180
tttgggtcaat ttgggtcctt caaggacatt taccttcccta aggattacta cactggagaa 240
ccccgtggct ttgggtttgt ccaatatgtg gatcctgcgg atgctgctga tgctaaatat 300
catatggatg gtcaagttct tcttggtcgg gagctcactg ttgtctttgc tgaggagaat 360
agaaagaagc caactgagat gaggacacga gagagaaggg gtcgctttta tgatcgaagg 420
aggctctctc ctcgttactc tcggtcaccc cgctactctc gatctccacc accacgccat 480
agatctcggt ctcgcagtcg tgattattat tctcctcctg ccaaacgaag ggagtattca 540
agatctgtct ccctgagga tagaaggtac agtcgagaaa gatcattttc acagcatagt 600
agagagaggt catactcacg atctcctcct tataatgggg gctcaaggag tcgtagtcag 660
agtccagcaa agggcccagg tcagagcagg agtccaagtc cgaaccgaga tggaagggaa 720
5 ccagccccggg gtaggtcccc tagtcagtga 750

<210> 4

<211> 249

<212> PRT

<213> *Glycine max*

10 <400> 4

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Pro Arg His Ser Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Gly Gly Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Pro Pro
 20 25 30

Arg Pro Arg Gln Gln Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu
 35 40 45

Arg His Asp Cys Arg Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe
 50 55 60

Gly Pro Leu Lys Asp Ile Tyr Leu Pro Lys Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu
 65 70 75 80

Pro Arg Gly Phe Gly Phe Val Gln Tyr Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala
 85 90 95

Asp Ala Lys Tyr His Met Asp Gly Gln Val Leu Leu Gly Arg Glu Leu
 100 105 110

Thr Val Val Phe Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg
 115 120 125

Thr Arg Glu Arg Arg Gly Arg Phe Tyr Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro

ES 2 396 412 T3

130

135

140

Arg Tyr Ser Arg Ser Pro Arg Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg His
145 150 155 160

Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Asp Tyr Tyr Ser Pro Pro Ala Lys Arg
165 170 175

Arg Glu Tyr Ser Arg Ser Val Ser Pro Glu Asp Arg Arg Tyr Ser Arg
180 185 190

Glu Arg Ser Phe Ser Gln His Ser Arg Glu Arg Ser Tyr Ser Arg Ser
195 200 205

Pro Pro Tyr Asn Gly Gly Ser Arg Ser Arg Ser Gln Ser Pro Ala Lys
210 215 220

Gly Pro Gly Gln Ser Arg Ser Pro Ser Pro Asn Arg Asp Gly Arg Glu
225 230 235 240

Pro Ala Arg Gly Arg Ser Pro Ser Gln
245

<210> 5

<211> 744

<212> ADN

5 <213> *Glycine max*

<400> 5

ES 2 396 412 T3

atgagaggaa ggagctatag tccatcgcct cctcctccac gttacagcag aagaggagga 60
 gggaggagtc ccagccctag gggccgctat cctccccgtc cccgacaaca agatctccct 120
 accagccttc ttgttcgtaa ccttcgctcat gactgtaggc ctgaggatct tcgcatacct 180
 tttgggtcaat ttggtcctct caaggacatt taccttcccta aggattacta cactggagaa 240
 ccccgtggct ttggttttgt ccaatttggtg gatcctgcgg atgctgctga tgccaaatat 300
 catatggatg gtcaagttct tcttggtcgg gagctcactg ttgtttttgc tgaagagaat 360
 agaaagaagc caactgagat gaggacaaga gagagaaggg gtcgattttc tgatcgtagg 420
 aggtctcctc ctcgttactc tcgttcacct cgctactctc ggtctccacc accacgtcat 480
 agatctcgtt ctcacagtcg tgactattat tctcctaaac gaaggagta ttcaagatct 540
 gtctccccctg agggtagaag gtacagtcga gaaagatcat attcacagca taatagagag 600
 aggtcatact cacgttcccc accttataat gggggctcaa ggagccgtag tcagagtcca 660
 gcaaagggcc cagtcgggag caggagtcgg agtctgaatc gagatgaaag ggaaccagcc 720
 cgaggtaggt cccccagtca gtga 744

<210> 6

<211> 247

<212> PRT

5 <213> *Glycine max*

<400> 6

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Pro Pro Arg Tyr Ser
 1 5 10 15

Arg Arg Gly Gly Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Pro Pro
 20 25 30

Arg Pro Arg Gln Gln Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu
 35 40 45

Arg His Asp Cys Arg Pro Glu Asp Leu Arg Ile Pro Phe Gly Gln Phe
 50 55 60

Gly Pro Leu Lys Asp Ile Tyr Leu Pro Lys Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu
 65 70 75 80

Pro Arg Gly Phe Gly Phe Val Gln Phe Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala
 85 90 95

Asp Ala Lys Tyr His Met Asp Gly Gln Val Leu Leu Gly Arg Glu Leu
 100 105 110

Thr Val Val Phe Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg
 115 120 125

Thr Arg Glu Arg Arg Gly Arg Phe Ser Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro
 130 135 140

Arg Tyr Ser Arg Ser Pro Arg Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg His
 145 150 155 160

Arg Ser Arg Ser His Ser Arg Asp Tyr Tyr Ser Pro Lys Arg Arg Glu
 165 170 175

Tyr Ser Arg Ser Val Ser Pro Glu Gly Arg Arg Tyr Ser Arg Glu Arg
 180 185 190

Ser Tyr Ser Gln His Asn Arg Glu Arg Ser Tyr Ser Arg Ser Pro Pro
 195 200 205

Tyr Asn Gly Gly Ser Arg Ser Arg Ser Gln Ser Pro Ala Lys Gly Pro
 210 215 220

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

ES 2 396 412 T3

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Gln
245

<210> 7

<211> 750

<212> ADN

5 <213> desconocido

<220>

<223> Secuencia sintética

<400> 7

atgagaggaa	ggagctatag	tccatcgct	cctcctccac	gttacagcag	aagaggagga	60
gggaggagtc	ccagccctag	gggccgctat	cctccccgtc	ccagacaaca	agatctcct	120
accagccttc	ttgtccgtaa	ccttcgctcat	gactgtaggc	ctgaggatct	acgccgacct	180
tttgggtcaat	ttgggtcctct	caaggacatt	taccttcta	aggattacta	cactggagaa	240
ccccgtggct	ttggttttgt	ccaatatgtg	gatcctgogg	atgctgctga	tgctaaatat	300
catatggatg	gtcaagttct	tcttggtcgg	gagctcactg	ttgtctttgc	tgaggagaat	360
agaaagaagc	caactgagat	gaggacacga	gagagaaggg	gtcgccttta	tgatcgaagg	420
aggtctcctc	ctcgttactc	tcggtcaccc	cgctactctc	gatctccacc	accacgccat	480
agatctcgtt	ctcgcagtcg	tgattattat	tctcctcctg	ccaaacgaag	ggagtattca	540
agatctgtct	cccctgagga	tagaaggtac	agtgcagaaa	gatcattttc	acagcatagt	600
agagagaggt	catactcagc	atctcctcct	tataatgggg	gctcaaggag	tcgtagtcag	660
agtccagcaa	agggcccgag	tcagagcagg	agtccaagtc	cgaaccgaga	tggaagggaa	720
ccagccccggg	gtaggtcccc	tagtcagtga				750

10 <210> 8

<211> 249

<212> PRT

<213> Desconocido

<220>

15 <223> Secuencia sintética

<400> 8

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Pro Pro Arg Tyr Ser
1 5 10 15

Arg Arg Gly Gly Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Pro Pro
20 25 30

Arg Pro Arg Gln Gln Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu
35 40 45

Arg His Asp Cys Arg Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe

ES 2 396 412 T3

<400> 9

```
atgagaggaa ggagttatag tccatcacct ccaaggggct atagtagaag gggacggagt      60
cctagtcctc ggggacgta tggtaggacgt agtagggatc ttctactag cttctagtt      120
cgcaacctcc gtcattgattg caggccagaa gaccttogca ggccatttga acagtttggt      180
gctcttaagg acatctactt gcttagagac tattatactg ggaacccccg tggttttggt      240
tttgtccaat atgcagatcc tcatgatgct gcagaggcaa aacatcatat ggatggctgt      300
gtctttcttg gccgggagtt gactggtgta tttgccgagg agaataggaa gaagccagtt      360
gatatgagag caagggagcg cacagccact aggggtcgag ttggcgatag aagaagatca      420
cctcctcgtt attctcggtc accacgccat tctcgttctc caccgccacg ccatgcaaca      480
tcccggcttc acagtcgtga tttttattcc cctccaaaaa gaaggcatca ctcaagatct      540
gtttcacccc gagagaggag gtacagtcaa gagaggatc attcacgatc aaggagccac      600
agccaaactc caaatagggg tcagatccgg agcccagcta ggagcccagc taggagccga      660
agccgtagcc caagaagaag cagaagccgt agcccaattc atgatgaata tcctaaagaa      720
gtaaattggag acaagtctcc tagtccataa      750
```

<210> 10

5 <211> 249

<212> PRT

<213> *Populus tremula* x *Populus tremuloides*

<400> 10

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Ser Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Ser Arg
 20 25 30

Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys Arg
 35 40 45

Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Glu Gln Phe Gly Ala Leu Lys Asp
 50 55 60

Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Arg Gly Phe Gly
 65 70 75 80

Phe Val Gln Tyr Ala Asp Pro His Asp Ala Ala Glu Ala Lys His His
 85 90 95

Met Asp Gly Arg Val Phe Leu Gly Arg Glu Leu Thr Val Val Phe Ala
 100 105 110

Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Val Asp Met Arg Ala Arg Glu Arg Thr
 115 120 125

Ala Thr Arg Gly Arg Val Gly Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro Arg Tyr
 130 135 140

Ser Arg Ser Pro Arg His Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg His Ala Thr

ES 2 396 412 T3

atgagaggaa ggagttatag tccatcacct ccaaggggct atagtagaag gggacggagt 60
 cctagtccctc ggggacgtta tgggtggacgt agtagggatc ttcctactag ctttctagtt 120
 cgcaacctcc gtcattgattg caggccagaa gaccttcgca ggccatttga acagtttggt 180
 gctcttaagg acatctactt gcctagagac tattatactg gggaaccccg tggttttggt 240
 tttgtccaat atgcagatcc tcatgatgct gcagaggcaa aacatcatat ggatggtcga 300
 gtctttcttg gccgggagtt gactgttgta tttgccgagg agaataggaa gaagccagtt 360
 gatatgagag caagggagcg cacagccaca aggggtcagag ttggtgatag aagaagatca 420
 cctcctcgtt attctcggtc accacgccat tctcgttctc caccgccacg ccatgcaaca 480
 tcccggctctc acagtcgtga ttattattcc cctccaaaaa gaaggcatcc ctcaagatct 540
 gtttcacccc gagagaggag gtacagtcaa gagaggatc attcacgatc aaggagccac 600
 agccaaactc caaatagggg tcagatccgg agcccagtta ggagccgaag cagtagccca 660
 agaaaaagca gaagccgtag cccaattcat gatgaatac ctaaagaagt aaatggagac 720
 aagtctccta gtccataa 738

<210> 12

<211> 245

<212> PRT

5 <213> *Populus trichocarpa*

<400> 12

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Ser Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Ser Arg
 20 25 30

Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys Arg
 35 40 45

Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Glu Gln Phe Gly Ala Leu Lys Asp
 50 55 60

Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Arg Gly Phe Gly
 65 70 75 80

Phe Val Gln Tyr Ala Asp Pro His Asp Ala Ala Glu Ala Lys His His
 85 90 95

Met Asp Gly Arg Val Phe Leu Gly Arg Glu Leu Thr Val Val Phe Ala
 100 105 110

Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Val Asp Met Arg Ala Arg Glu Arg Thr
 115 120 125

Ala Thr Arg Gly Arg Val Gly Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro Arg Tyr
 130 135 140

Ser Arg Ser Pro Arg His Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg His Ala Thr
 145 150 155 160

Ser Arg Ser His Ser Arg Asp Tyr Tyr Ser Pro Pro Lys Arg Arg His
 165 170 175

Pro Ser Arg Ser Val Ser Pro Arg Glu Arg Arg Tyr Ser Gln Glu Arg
 180 185 190

Ser Tyr Ser Arg Ser Arg Ser His Ser Gln Thr Pro Asn Arg Gly Gln
 195 200 205

Ile Arg Ser Pro Val Arg Ser Arg Ser Ser Ser Pro Arg Lys Ser Arg
 210 215 220

Ser Arg Ser Pro Ile His Asp Glu Tyr Pro Lys Glu Val Asn Gly Asp
 225 230 235 240

Lys Ser Pro Ser Pro

ES 2 396 412 T3

<210> 13

<211> 723

<212> ADN

<213> *Brassica napus*

5 <400> 13

```

atgaggggaa ggagctacac accatcacca ccaaggggct atgggaggag gggacggagc      60
cctagtcccc gtggccgtta cggtaggggt cgtgacaggg atctcccaac cagtcttttg      120
gttcgcaacc ttcgtcatga ttgcaggcaa gaggatctta ggaggccatt tgagcagttc      180
ggtcctgtca aggacatcta cttccaagg gattattata ccggagatcc aagggggttt      240
ggtttcattc agtatgtgga ccctgctgat gctgcggagg caaaacatca catggaaggc      300
tatcttcttc ttggtcgtga gctgactggt gtatttgcag aagagaacag gaagaagcca      360
actgaaatga ggacaagga tcgaggtggt aggagcaaca gattcaatga cagaagacgt      420
tctcctcctc gctactctcg ttctccacco cctcgacgtg gcggtagaac gcgatcacgt      480
agccgcgaat ataattctcc tccccctaaa agacatcagt ctaggtctgt ctcaccacag      540
gagagacgat acgagaagga gaggtcatac tctcgttcac caccacgcaa tggctcaagg      600
gctcgcagtg gaagtcatga gaaggcgaag aaaagctaca gcgggagcag gagcccaaga      660
agaagcgtga gcccgagaag ggacagagct aactcctga acaagccagg agcctggtcc      720
tag                                                                                   723

```

<210> 14

<211> 240

<212> PRT

10 <213> *Brassica napus*

<400> 14

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Thr Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg
1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Gly Arg Asp
20 25 30

Arg Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys
35 40 45

Arg Gln Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Glu Gln Phe Gly Pro Val Lys
50 55 60

Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Asp Pro Arg Gly Phe
65 70 75 80

Gly Phe Ile Gln Tyr Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala Glu Ala Lys His

ES 2 396 412 T3

85

90

95

His Met Glu Gly Tyr Leu Leu Leu Gly Arg Glu Leu Thr Val Val Phe
 100 105 110

Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Thr Arg Asp Arg
 115 120 125

Gly Gly Arg Ser Asn Arg Phe Asn Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro Arg
 130 135 140

Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg Arg Gly Gly Arg Thr Arg Ser Arg
 145 150 155 160

Ser Arg Glu Tyr Asn Ser Pro Pro Pro Lys Arg His Gln Ser Arg Ser
 165 170 175

Val Ser Pro Gln Glu Arg Arg Tyr Glu Lys Glu Arg Ser Tyr Ser Arg
 180 185 190

Ser Pro Pro Arg Asn Gly Ser Arg Ala Arg Ser Gly Ser His Glu Lys
 195 200 205

Ala Lys Lys Ser Tyr Ser Gly Ser Arg Ser Pro Arg Arg Ser Val Ser
 210 215 220

Pro Arg Arg Asp Arg Ala Thr Leu Leu Asn Lys Pro Gly Ala Trp Ser
 225 230 235 240

<210> 15

<211> 786

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 15

ES 2 396 412 T3

atgagaggaa ggagctacac gccatcacca ccaagggggtt atggaaggag gggccggagc	60
cctagccctc ggggccgggtt tgggtgggagt cgtgacagtg atctcccaac cagtcttttg	120
gttcgcaact tacgtcatga ttgcaggcaa gaagacctca ggaggccatt tgagcagttt	180
ggtcccgtca aggacatcta ccttcctagg gattactata ctggagatcc aagggggttt	240
ggattcattc agtttatgga tcctgctgat gctgctgagg ctaaacaatca aatggatggt	300
tatcttcttc ttggtcgtga gttgactgtc gtatttgctg aagaaaaccg gaagaagcca	360
actgagatga gaacaaggga tcgaggtgga aggagcaaca gattccagga cagaagacgt	420
tctcctctc ggtactctcg gtctcctcct cgccgtggtc gtagatcacg atcacgtagc	480
tgcggctata attctcctcc cgctaaaaga catcaatcta ggtctgtctc acctcaggat	540
agacgatatg agaaggagag gtcatactct cgctcaccac ccataatgg ctcaagggtt	600
cgcagtggaa gtccctgggag agtgaagagc cacagcagaa gcccaagaag aagcgtgagc	660
ccaagaaaa acaggagcta cacgccagaa caagcaagga gccaaagccc tgtccctagg	720
cagagcagga gcccgacccc agtcctcgt ggagcacaaa atggagaccg ttctccaagc	780
cagtga	786

<210> 16

<211> 261

5 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 16

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Thr Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Phe Gly Gly Ser Arg Asp
 20 25 30

Ser Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys
 35 40 45

Arg Gln Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Glu Gln Phe Gly Pro Val Lys
 50 55 60

Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Asp Pro Arg Gly Phe
 65 70 75 80

Gly Phe Ile Gln Phe Met Asp Pro Ala Asp Ala Ala Glu Ala Lys His
 85 90 95

Gln Met Asp Gly Tyr Leu Leu Leu Gly Arg Glu Leu Thr Val Val Phe
 100 105 110

Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Thr Arg Asp Arg
 115 120 125

Gly Gly Arg Ser Asn Arg Phe Gln Asp Arg Arg Arg Ser Pro Pro Arg
 130 135 140

Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Arg Arg Gly Arg Arg Ser Arg Ser Arg Ser
 145 150 155 160

Cys Gly Tyr Asn Ser Pro Pro Ala Lys Arg His Gln Ser Arg Ser Val
 165 170 175

Ser Pro Gln Asp Arg Arg Tyr Glu Lys Glu Arg Ser Tyr Ser Arg Ser
 180 185 190

Pro Pro His Asn Gly Ser Arg Val Arg Ser Gly Ser Pro Gly Arg Val

ES 2 396 412 T3

<210> 18

<211> 280

<212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

5 <400> 18

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg

ES 2 396 412 T3

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

ES 2 396 412 T3

260

265

270

Asp His Asp Val Ser Pro Arg His
 275 280

<210> 19

<211> 747

<212> ADN

5 <213> *Solanum tuberosum*

<400> 19

atgaggagga gaagttacag cccatcacca cagagagggtt atggcagaag aggaaggagt 60
 ccgagtccca gaggtcgata tgggtggatcat agtagagatg gtccgactag tcttttagtt 120
 cgaaatcttc gccatgattg tcggccagaa gacctcagaa ggccgttcgg gcaatttggc 180
 cctgtgaagg atatcttactt gccaaaggac tactacactg gtgaaccacg aggctttgga 240
 tttgtccagt ttgtggatcc tgctgatgct gcagatgcc a gtatcagat ggatggacaa 300
 ggttttcaag gtcggcaact gactgtgggtt tttgccgagg aaaacaggaa aaaacctact 360
 gaaatgagat ctagggaacg cagtgggaagt cataggagta gccgcagcca tgatcggaga 420
 cgtactccac cttcacggta tgcaagagca ggatcacaca gccgtgatta ctctcccaag 480
 agaaggcagt actcgaggtc tgtctcacct gaagagaaaa gatacagtcg tgagaggtca 540
 tattcacgat cccctcctcg tggcctttct cctccaccac ataatgggtc aaggagtcgc 600
 agtcaaactc cagtcagaga gcgcccacca tataatggca gtccaaggag ccgtagcaga 660
 agtccagtta ggagggagcg ttctccgggtt aggggtcaca gcaggagccc tagtaggagc 720
 cctggttgtg ctccctactc gccatga 747

<210> 20

<211> 248

10 <212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 20

ES 2 396 412 T3

Met Arg Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Gln Arg Gly Tyr Gly Arg
1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly His Ser Arg
20 25 30

Asp Gly Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys Arg
35 40 45

Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe Gly Pro Val Lys Asp
50 55 60

Ile Tyr Leu Pro Lys Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Arg Gly Phe Gly

ES 2 396 412 T3

atgaggagga gaagttacag cccatcacca ccaagagggtt atggcagaag aggaaggagt 60
ccaagtccca gaggtcgata tgctggatcat ggtagagatg gtccgactag tcttttagtt 120
cgaaaccttc gccatgattg tcggccagaa gacctcagga ggccattcgg gcaatttggc 180
cctgtgaagg atatttactt gccaaaggac tactacactg gtgaaccacg aggctttgga 240
tttgtccagt ttgtggatcc tgctgatgct gcagatgcta agtatcagat ggatggacaa 300
ggttttcaag gtcggcaact gactgtgggtt tttgcagagg aaaacaggaa aaaacctact 360
gaaatgagat ctagggaacg cagtggaagt cataggagta gccgcagcta tgataggaga 420
cgtactccac cttcacgtta tgcaagacca ggatcacaca gccgtgatta ctctcccaag 480
agaaggccgt actcgaggtc tgtctcacct gaagagaaaa gatacagtcg tgagagggtca 540
tattcacgat cccctcctcg ggacctgtct cctccaccac ataatggatc aaggagtcga 600
agtcaaactc cagtcagaga gcacccacca tacaatggca gtccaaggag ccgtagcaga 660
agtccagtta ggagggagcg ttctccagtt aggggtcaca gcaggagccc tagtaggagc 720
cgtagcagga gccctgggtg tgctccctac tcacatga 759

<210> 22

<211> 252

5 <212> PRT

<213> *Solanum lycopersicon*

<400> 22

ES 2 396 412 T3

Met Arg Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg
1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Ala Gly His Gly Arg
20 25 30

Asp Gly Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys Arg
35 40 45

Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe Gly Pro Val Lys Asp
50 55 60

Ile Tyr Leu Pro Lys Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Arg Gly Phe Gly
65 70 75 80

Phe Val Gln Phe Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala Asp Ala Lys Tyr Gln
85 90 95

Met Asp Gly Gln Gly Phe Gln Gly Arg Gln Leu Thr Val Val Phe Ala
100 105 110

Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Ser Arg Glu Arg Ser
115 120 125

Gly Ser His Arg Ser Ser Arg Ser Tyr Asp Arg Arg Arg Thr Pro Pro
130 135 140

Ser Arg Tyr Ala Arg Pro Gly Ser His Ser Arg Asp Tyr Ser Pro Lys
145 150 155 160

Arg Arg Pro Tyr Ser Arg Ser Val Ser Pro Glu Glu Lys Arg Tyr Ser

ES 2 396 412 T3

165

170

175

Arg Glu Arg Ser Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Arg Asp Leu Ser Pro Pro
180 185 190

Pro His Asn Gly Ser Arg Ser Arg Ser Gln Thr Pro Val Arg Glu His
195 200 205

Pro Pro Tyr Asn Gly Ser Pro Arg Ser Arg Ser Arg Ser Pro Val Arg
210 215 220

Arg Glu Arg Ser Pro Val Arg Gly His Ser Arg Ser Pro Ser Arg Ser
225 230 235 240

Arg Ser Arg Ser Pro Gly Cys Ala Pro Tyr Ser Pro
245 250

<210> 23

<211> 798

<212> ADN

5 <213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 23

ES 2 396 412 T3

atgaggagac ggagttacag cccatcacca ccgcgagggt atggcagcag aggcgggagg 60
agccccgagcc ccaggggtcg atatggtggt cgtagcagag atgctcctac tagtctctta 120
gttcgaaatc ttcgcatga ttgtcggcca gaagacctaa gaaggccggt cgggcaattt 180
gggcctgtca aggacattta cttgcccagg gactactaca ctggtcaacc acgtggcttt 240
ggatttgtcc agtttgtgga tctgtctgat gctgctgaag ccaagtatca gatggatggg 300
cagggttttc agggtcggca actgactgtg gtttttctg aggaaaacag gaaaaagcca 360
actgaaatga gagctagggg acgtagtggg agtggttagg gccgcagcta tgatcggaga 420
cggctactcac ctcaatattc cagatctcca cctccacggt atgcaaggtc accatcccgc 480
agccatggct actctcctaa gagaaggcag tactcgaggt ctgtttcacc tgaagagaaa 540
agatacagcc gtgagagatc atactcgcgt tcccctgcaa gggacatttc tccaccctat 600
aatgggtcaa ggagccgcag tcaaactcca gtcagaaagc attctccata tgatgatggt 660
cgaaggagcc gcagcagaag tccagttaag gagcgttttg cggttagggt tcacagcagg 720
agccccagtc gcagcaggag cccaggtgat gtccattact cgagggatcc agatcatgac 780
gtgtctccac gacactga 798

<210> 24

<211> 265

<212> PRT

5 <213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 24

ES 2 396 412 T3

Met Arg Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Ser
 1 5 10 15

Arg Gly Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Ser
 20 25 30

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

Arg Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe Gly Pro Val Lys
 50 55 60

Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Gln Pro Arg Gly Phe
 65 70 75 80

Gly Phe Val Gln Phe Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala Glu Ala Lys Tyr
 85 90 95

Gln Met Asp Gly Gln Gly Phe Gln Gly Arg Gln Leu Thr Val Val Phe
 100 105 110

Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Ala Arg Glu Arg
 115 120 125

Ser Gly Ser Gly Arg Ser Arg Ser Tyr Asp Arg Arg Arg Tyr Ser Pro
 130 135 140

Gln Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg Tyr Ala Arg Ser Pro Ser Arg
 145 150 155 160

Ser His Gly Tyr Ser Pro Lys Arg Arg Gln Tyr Ser Arg Ser Val Ser
 165 170 175

Pro Glu Glu Lys Arg Tyr Ser Arg Glu Arg Ser Tyr Ser Arg Ser Pro
 180 185 190

Ala Arg Asp Ile Ser Pro Pro Tyr Asn Gly Ser Arg Ser Arg Ser Gln
 195 200 205

Thr Pro Val Arg Lys His Ser Pro Tyr Asp Asp Gly Arg Arg Ser Arg
 210 215 220

Ser Arg Ser Pro Val Lys Glu Arg Phe Ala Val Arg Val His Ser Arg
 225 230 235 240

Ser Pro Ser Arg Ser Arg Ser Pro Gly Asp Val His Tyr Ser Arg Asp
 245 250 255

Pro Asp His Asp Val Ser Pro Arg His
 260 265

ES 2 396 412 T3

<210> 25

<211> 792

<212> ADN

<213> *Nicotiana tabacum*

5 <400> 25

atgaggagac	ggagttacag	cccatcacca	ccacgaggtt	atggcaggag	aggagggagg	60
agcccgagcc	ccaggggtcg	atatggtggt	cgtagcagag	atgctcctac	tagtctctta	120
gttcgaaatc	ttcgccatga	ttgtcggcca	gaagacctaa	gaaggccggt	cgggcaatth	180
gggcctgtca	aggacattta	cttgcccagg	gactactaca	ctggtcaacc	acgtggctth	240
ggatttgtcc	agtttgtgga	tccagctgat	gctgcagaag	ctaagtatca	gatggatggg	300
cagggthttc	aaggtcggca	actgactgtg	gtthtttgcag	aggaaaacag	gaaaaagcca	360
actgaaatga	gagctagggg	acgtagtggg	agtggtagga	gccgcagcta	tgatcggaga	420
cggctactcac	ctcaatattc	cagatctcca	cctccacggt	atgcaaggtc	ccgcagccgt	480
ggctactctc	ctaagagaag	gcagtactcg	aggtctgtht	cacctgaaga	gaaaagatac	540
agccgtgaga	gatcactctc	acgttcccct	gcaagggaca	thtctccacc	atataatggg	600
tcaaggagtc	gcagtcaaac	tccggtcaga	gagcattcac	catatgatga	tggtcgaagg	660
agccgcagca	gaagtccagt	taaggagcgt	tctccggtta	ggggtcacag	caggagtccc	720
agtcgcagca	ggagcccagg	tgatgtccgt	tactcgaggg	atccagatca	tgacgtgtct	780
ccacgacact	ga					792

<210> 26

<211> 263

<212> PRT

10 <213> *Nicotiana tabacum*

<400> 26

ES 2 396 412 T3

Met Arg Arg Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg
1 5 10 15

Arg Gly Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Ser
20 25 30

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

Arg Pro Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe Gly Pro Val Lys
50 55 60

Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Gln Pro Arg Gly Phe
65 70 75 80

Gly Phe Val Gln Phe Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala Glu Ala Lys Tyr

ES 2 396 412 T3

85

90

95

Gln Met Asp Gly Gln Gly Phe Gln Gly Arg Gln Leu Thr Val Val Phe
 100 105 110

Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Ala Arg Glu Arg
 115 120 125

Ser Gly Ser Gly Arg Ser Arg Ser Tyr Asp Arg Arg Arg Tyr Ser Pro
 130 135 140

Gln Tyr Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg Tyr Ala Arg Ser Arg Ser Arg
 145 150 155 160

Gly Tyr Ser Pro Lys Arg Arg Gln Tyr Ser Arg Ser Val Ser Pro Glu
 165 170 175

Glu Lys Arg Tyr Ser Arg Glu Arg Ser Tyr Ser Arg Ser Pro Ala Arg
 180 185 190

Asp Ile Ser Pro Pro Tyr Asn Gly Ser Arg Ser Arg Ser Gln Thr Pro
 195 200 205

Val Arg Glu His Ser Pro Tyr Asp Asp Gly Arg Arg Ser Arg Ser Arg
 210 215 220

Ser Pro Val Lys Glu Arg Ser Pro Val Arg Gly His Ser Arg Ser Pro
 225 230 235 240

Ser Arg Ser Arg Ser Pro Gly Asp Val Arg Tyr Ser Arg Asp Pro Asp
 245 250 255

His Asp Val Ser Pro Arg His
 260

<210> 27

<211> 663

<212> ADN

5 <213> *Medicago truncatula*

<400> 27

ES 2 396 412 T3

atgaggggaa gaagttacag ttacagtect tcacctcaa ggcgttatgg tggaaggaga	60
cgcagtccga gtccaagagg ccggtatgga ggacgttata gaggtggccg tgatagggat	120
ctgcctacaa gtcttctcgt ccgaaacctg gccaaagatt gcaggccaga agatctgcac	180
gatccatttg gacagtttgg tctgtcaag gatgtttacc tgccctcgtga ttattatact	240
ggggagccaa ggggttttgg gtttgttcaa tttgtggatc cagctgatgc tgccgatgcg	300
aaatatcaca tggatggcca agttcttctt ggccgtgagt taactgtggt gtttgctgaa	360
gaaaacagaa agaaacctca agaaatgaga gcaagagAAC gtgggaggtc atatgattat	420
aggcgatctc cacgtcgtcg ttctcgttca ccacgctatg ctCGAACCTA ttctcgtagt	480
ccagactata caccttcacc aagaccaagg cgatattcca ggtccatctc accaagagac	540
gaaaggtata ggagacggtc atactctaga tccccttaca gatcacctta tggatctaga	600
agccctgatc gaggtaggag ttacagcagg agcataagcc gcagtccagg gtactcaagg	660
tga	663

<210> 28

<211> 220

5 <212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<400> 28

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Arg Tyr
 1 5 10 15

Gly Gly Arg Arg Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg
 20 25 30

Tyr Arg Gly Gly Arg Asp Arg Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg
 35 40 45

Asn Leu Ala Lys Asp Cys Arg Pro Glu Asp Leu His Asp Pro Phe Gly
 50 55 60

Gln Phe Gly Pro Val Lys Asp Val Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr
 65 70 75 80

Gly Glu Pro Arg Gly Phe Gly Phe Val Gln Phe Val Asp Pro Ala Asp
 85 90 95

Ala Ala Asp Ala Lys Tyr His Met Asp Gly Gln Val Leu Leu Gly Arg
 100 105 110

Glu Leu Thr Val Val Phe Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Gln Glu
 115 120 125

Met Arg Ala Arg Glu Arg Gly Arg Ser Tyr Asp Tyr Arg Arg Ser Pro
 130 135 140

Arg Arg Arg Ser Arg Ser Pro Arg Tyr Ala Arg Thr Tyr Ser Arg Ser
 145 150 155 160

Pro Asp Tyr Thr Pro Ser Pro Arg Pro Arg Arg Tyr Ser Arg Ser Ile
 165 170 175

Ser Pro Arg Asp Glu Arg Tyr Arg Arg Arg Ser Tyr Ser Arg Ser Pro
 180 185 190

Tyr Arg Ser Pro Tyr Gly Ser Arg Ser Pro Asp Arg Gly Arg Ser Tyr
 195 200 205

Ser Arg Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Tyr Ser Arg
 210 215 220

ES 2 396 412 T3

<210> 29

<211> 663

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

5 <400> 29

atgaggggaa	ggagctacac	tccgtcacca	cctagggggtt	atgggaggag	gggtcgaagc	60
ccaagcccta	gaggccgata	tggaggtcgt	agcagggacc	tcccgaccag	tcttttggtt	120
cgcaatctac	gccatgattg	caggcaagaa	gatctcagga	agtcgtttga	gcagtttggt	180
cctgtcaagg	acatttacct	gccaaaggat	tattataccg	gagatccgcg	agggtttggg	240
ttcgttcaat	ttatggacc	tgctgatgct	gctgatgcaa	aacatcacat	ggatggttat	300
cttcttcttg	gccgtgagtt	gactgtcgtg	tttgcagaag	agaacagaaa	gaaaccgact	360
gaaatgagag	caagggagcg	tggtggagga	agatttcggg	atagaagacg	tactccacct	420
cgttactact	ctcgtctctg	ttctctctcc	cctcgacgtg	gtagatctcg	gtcacggagc	480
ggtgactatt	attctctctc	ccctagaaga	catcacccaa	gatctatctc	gcccagggaa	540
gagcgatatg	atgggaggag	gtcatactcg	cgctcacctg	cctctgatgg	ctcaaggggt	600
cgcagtttaa	ctccagtcag	aggtaagagc	cgcagcttaa	ccccagccct	agaagaagca	660
taa						663

<210> 30

<211> 220

<212> PRT

10 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 30

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Thr Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Ser Arg
 20 25 30

Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys Arg
 35 40 45

Gln Glu Asp Leu Arg Lys Ser Phe Glu Gln Phe Gly Pro Val Lys Asp
 50 55 60

Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Asp Pro Arg Gly Phe Gly
 65 70 75 80

Phe Val Gln Phe Met Asp Pro Ala Asp Ala Ala Asp Ala Lys His His
 85 90 95

Met Asp Gly Tyr Leu Leu Leu Gly Arg Glu Leu Thr Val Val Phe Ala
 100 105 110

Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Ala Arg Glu Arg Gly
 115 120 125

Gly Gly Arg Phe Arg Asp Arg Arg Arg Thr Pro Pro Arg Tyr Tyr Ser
 130 135 140

Arg Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg Arg Gly Arg Ser Arg Ser Arg Ser
 145 150 155 160

Gly Asp Tyr Tyr Ser Pro Pro Pro Arg Arg His His Pro Arg Ser Ile
 165 170 175

Ser Pro Arg Glu Glu Arg Tyr Asp Gly Arg Arg Ser Tyr Ser Arg Ser
 180 185 190

Pro Ala Ser Asp Gly Ser Arg Gly Arg Ser Leu Thr Pro Val Arg Gly
 195 200 205

Lys Ser Arg Ser Leu Thr Pro Ala Leu Glu Glu Ala
 210 215 220

ES 2 396 412 T3

<210> 31

<211> 792

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

5 <400> 31

atgaggggaa ggagctacac tccgtcacca cctagggggt atgggaggag gggtcgaagc 60
ccaagcccta gaggccgata tggaggctgt agcagggacc tcccgaccag tcttttggtt 120
cgcaatctac gccatgattg caggcaagaa gatctcagga agtcgtttga gcagtttggt 180
cctgtcaagg acatttacct gccaaaggat tattataccg gagatccgcg agggtttggg 240
ttcgttcaat ttatggacc tgcgtgatgct gctgatgcaa aacatcacat ggatggttat 300
cttcttcttg gccgtgagtt gactgtcgtg tttgcagaag agaacagaaa gaaaccgact 360
gaaatgagag caagggagcg tggaggagga agatttcggg atagaagacg tactccacct 420
cgttactact ctcgctctcg ttctcctccc cctcgacgtg gtagatctcg gtcacggagc 480
ggtgactatt attctcctcc ccctagaaga catcacccaa gatctatctc gcccagggaa 540
gagcgatatg atgggaggag gtcatactcg cgctcacctg cctctgatgg ctcaaggggt 600
cgcagtttaa ctccagtcag aggtaagagc cgcagcttaa gccccagccc tagaagaagc 660
ataagccgta gccctagaag aagcaggagt ccgaggagaa gcagaagaag ctacactcct 720
gaacccgcca gaagcaggag ccaaagcccg catgggggccc agtatgacga agaccgttca 780
ccaagccagt ga 792

<210> 32

<211> 263

10 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 32

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Thr Pro Ser Pro Pro Arg Gly Tyr Gly Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Ser Arg
 20 25 30

Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp Cys Arg
 35 40 45

Gln Glu Asp Leu Arg Lys Ser Phe Glu Gln Phe Gly Pro Val Lys Asp
 50 55 60

Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Asp Pro Arg Gly Phe Gly
 65 70 75 80

Phe Val Gln Phe Met Asp Pro Ala Asp Ala Ala Asp Ala Lys His His
 85 90 95

Met Asp Gly Tyr Leu Leu Leu Gly Arg Glu Leu Thr Val Val Phe Ala
 100 105 110

Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Thr Glu Met Arg Ala Arg Glu Arg Gly
 115 120 125

Gly Gly Arg Phe Arg Asp Arg Arg Arg Thr Pro Pro Arg Tyr Tyr Ser
 130 135 140

Arg Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg Arg Gly Arg Ser Arg Ser Arg Ser
 145 150 155 160

Gly Asp Tyr Tyr Ser Pro Pro Pro Arg Arg His His Pro Arg Ser Ile
 165 170 175

Ser Pro Arg Glu Glu Arg Tyr Asp Gly Arg Arg Ser Tyr Ser Arg Ser
 180 185 190

Pro Ala Ser Asp Gly Ser Arg Gly Arg Ser Leu Thr Pro Val Arg Gly

ES 2 396 412 T3

<400> 34

Met Gly Arg Gly Tyr Asp Tyr Gly Pro Ser Pro Pro Arg Glu Tyr Arg
1 5 10 15

Arg Arg Ala Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Asp
20 25 30

Arg Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg Arg Asp Cys
35 40 45

Arg Pro Asp Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Lys Phe Gly Arg Val Lys
50 55 60

Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Arg Gly Phe
65 70 75 80

Gly Phe Ile Gln Tyr Tyr Asp Pro Glu Asp Ala Ala Asp Ala Lys Tyr
85 90 95

His Met Asp Gly Gln Ile Leu Leu Gly Arg Glu Val Thr Val Val Phe
100 105 110

Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Ser Glu Met Arg Ala Arg Glu Arg
115 120 125

Val Gly Ser Arg Asp Arg Ser Tyr Asp Arg Arg Ser Arg Ser Pro Arg
130 135 140

Tyr Ser Arg Ser Arg Ser Pro Val Tyr Ser Pro Arg Ser Arg Ser Arg
145 150 155 160

Ser Arg Ser Tyr Ser Pro Ala Pro Lys Arg Lys His Tyr Ser Ser Arg
165 170 175

Ser Pro Ala Arg Arg Glu Arg Ser Leu Ser Arg Ser Pro Ala Asp Ser
180 185 190

Arg Ser Arg Ser Arg Ser Leu Ser Asp Asp Arg Arg Ser Lys Ser Pro
195 200 205

Asp Arg Glu Arg Ser Leu Ser Val Ser Arg
210 215

ES 2 396 412 T3

<210> 35

<211> 738

<212> ADN

<213> *Vitis vinifera*

5 <400> 35

```

atgaggggaa ggagttacag tccctcgcca ccaagggcct atggccgaag ggggaggagc      60
cctagcccaa gaggccgtta tgggtggtcgt ggtagtgcta gagatctccc gactagtctt      120
ctagttcgca accttcgtca tgattgcagg ggtgaagacc ttcgaaggcc atttgggcag      180
tttggtcctc ttaaggatat ttacttgccc agggattatt atactgggga accgaggggc      240
tttggttttg tccaatatgt ggaccctgct gatgctgcag aagctaaata tcaaatggat      300
ggtcagattc ttcattggccg ggagttgact gttgtatttg cggaggagaa taggaagaaa      360
ccttctgata tgagggcaag agagcgtgga aggggtcgat tttatgatcg aagaaggtct      420
ccccttcggtt attcccgate cccaccgcca cggcacgcaa gatctccgtc ccgtggacgt      480
gattattatt ccccttcacc taagcggcga cagtactcaa ggtctgtttc cccacaagat      540
aggaggtaca gtcgagatag gtcatacacg cctgatggta ggaggaggtc gtacaccogt      600
tcaccaccct acaatggttc taggagccgc agccagagcc caataagggg tgaaagtccg      660
agcaggctcc aaagccgtag cccagatcct gaagattacc cacgagaagc agtgagagat      720
aggtctccca gtgagtga                                     738

```

<210> 36

<211> 245

10 <212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<400> 36

ES 2 396 412 T3

Met Arg Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Pro Pro Arg Ala Tyr Gly Arg
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Ser Pro Ser Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Gly Arg Gly Ser
 20 25 30

Ala Arg Asp Leu Pro Thr Ser Leu Leu Val Arg Asn Leu Arg His Asp
 35 40 45

Cys Arg Gly Glu Asp Leu Arg Arg Pro Phe Gly Gln Phe Gly Pro Leu
 50 55 60

Lys Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Arg Gly
 65 70 75 80

Phe Gly Phe Val Gln Tyr Val Asp Pro Ala Asp Ala Ala Glu Ala Lys
 85 90 95

Tyr Gln Met Asp Gly Gln Ile Leu His Gly Arg Glu Leu Thr Val Val
 100 105 110

Phe Ala Glu Glu Asn Arg Lys Lys Pro Ser Asp Met Arg Ala Arg Glu
 115 120 125

Arg Gly Arg Gly Arg Phe Tyr Asp Arg Arg Arg Ser Pro Leu Arg Tyr
 130 135 140

Ser Arg Ser Pro Pro Pro Arg His Ala Arg Ser Pro Ser Arg Gly Arg
 145 150 155 160

Asp Tyr Tyr Ser Pro Ser Pro Lys Arg Arg Gln Tyr Ser Arg Ser Val

ES 2 396 412 T3

165

170

175

Ser Pro Gln Asp Arg Arg Tyr Ser Arg Asp Arg Ser Tyr Thr Pro Asp
180 185 190

Gly Arg Arg Arg Ser Tyr Thr Arg Ser Pro Pro Tyr Asn Gly Ser Arg
195 200 205

Ser Arg Ser Gln Ser Pro Ile Arg Gly Glu Ser Pro Ser Arg Leu Gln
210 215 220

Ser Arg Ser Pro Asp Pro Glu Asp Tyr Pro Arg Glu Ala Val Arg Asp
225 230 235 240

Arg Ser Pro Ser Glu
245

<210> 37

<211> 681

<212> ADN

5 <213> *Glycine max*

<400> 37

atgaacattt tcaaattccc actggaccat gatttgaact gtggtggaat attccacgac 60
tcagcagaag catcttattc gtctgaaaca aggagcacc cctcagacga agaagtgatt 120
ctagcgtcag cgcggccaaa gaagcgagcg ggaagaagag tcttcaagga gacaaggcac 180
cccgtctacc gaggagtgcg tcgcaggaac aagaacaagt gggctctgca gatgcgagtc 240
cccaacaaca actcacgat ttggctcggg acatacccaa cgcccgaaat ggccgcacgt 300
gcgcacgacg ttgcggcgct cgcgctcagg ggaaagtccg cgtgcctcaa cttcgcggac 360
tccaggtggc ggctgacggt gccggcgacc accaacgcgg aggagatagc gcgagcggcg 420
ggggaggctg ctgaggcatt tgcagttgca gatggggacg acgttaatat tgaccaacag 480
cagagtgtga tggccacgaa tgatgatgaa gttcaagagc ctctccagca ggaggaggtt 540
caagacttgc atgatttget tttgagtatt gcgaatgagc ctttgatgic tctccaccc 600
tgtgcaagag atggtagga ctggaatgac gtggacatat ttgatgatga tgaatctca 660
ctgtggaact tctcaatttg a 681

ES 2 396 412 T3

<210> 38

<211> 226

<212> PRT

<213> *Glycine max*

5 <400> 38

Met Asn Ile Phe Lys Ser Pro Leu Asp His Asp Leu Asn Cys Gly Gly
1 5 10 15

Ile Phe His Asp Ser Ala Glu Ala Ser Tyr Ser Ser Glu Thr Arg Ser

ES 2 396 412 T3

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

Ser Ile
225

<210> 39

<211> 696

ES 2 396 412 T3

<212> ADN

<213> *Glycine max*

<400> 39

```
atggacatga attcctcagg tggtgectgc ggttggtttt atgattatgg ctttgatata      60
cctgttgctg gttctgactt catggcttca gactctgggtg gtttcagttg ggggccccag     120
agttacaact tcaaggggtcc ttcaaataatg agcttggaaa tggaaatactc actggattca     180
actgtcatgg aaaatgggtcc ttcaaagcgg ttaaggactg aatcatgtgc atctggctcc     240
aaggcatgtc gtgagaaatt gcgaagggat aaacttaatg agaggtttct ggaattgagt     300
tcgatcttgg agcctggtag acagcccaaa acagacaaag ttgcattatt aagcgatgcg     360
gctcgagtgg taatccaatt gagaaatgaa gccgagaggc tgaaggaaat gaatgatgaa     420
ttacaggcaa aagttaaaga attgaagggg gagaagaatg agcttcgtga tgagaagaat     480
aggctgaagg aagagaaaga aaagttggag aagcaagtga aactgacaaa tatacaaccc     540
agcttcctac ctcaagcccc agatgctaaa gggcaagttg gtagccacaa gctgatacct     600
ttcattggat accctggaat tgccatgtgg cagtttatgt ccctgctgc agttgatact     660
5 tcaaaggatc atctgcttcg acctccagtt gcataa                                696
```

<210> 40

<211> 231

<212> PRT

<213> *Glycine max*

10 <400> 40

ES 2 396 412 T3

<210> 42

<211> 226

<212> PRT

<213> *Lotus japonicus*

5 <400> 42

Met Glu Ile Asp Ser Ser Gly Asp Ser Cys Trp Leu Tyr Asp Tyr Gly
1 5 10 15

Phe Asp Asp Ile Ser Val Ala Ala Ala Ala Asp Phe Met Val Ala Asp

ES 2 396 412 T3

	20		25		30														
Ser	Ala	Asp	Phe	Thr	Trp	Val	Pro	Ser	Asn	Met	Asn	Leu	Glu	Met	Glu				
	35						40					45							
Tyr	Ser	Leu	Asp	Ser	Thr	Val	Phe	Glu	Ser	Gly	Pro	Ser	Lys	Arg	Leu				
	50					55					60								
Arg	Thr	Glu	Ser	Ser	Val	Ser	Gly	Ser	Lys	Ala	Cys	Arg	Glu	Lys	Leu				
65					70					75					80				
Arg	Arg	Asp	Lys	Leu	Asn	Glu	Arg	Phe	Leu	Glu	Leu	Ser	Ser	Ile	Leu				
				85					90					95					
Glu	Pro	Gly	Arg	Gln	Pro	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ala	Ile	Ile	Ser	Asp				
			100					105						110					
Ala	Val	Arg	Val	Val	Thr	Gln	Leu	Arg	Asn	Glu	Ala	Glu	Lys	Leu	Lys				
	115						120					125							
Glu	Met	Asn	Asn	Asp	Leu	Gln	Glu	Lys	Ile	Lys	Glu	Leu	Lys	Ala	Glu				
	130					135					140								
Lys	Asn	Glu	Ile	Arg	Asp	Glu	Lys	Asn	Lys	Leu	Lys	Leu	Asp	Lys	Glu				
145					150					155					160				
Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Val	Lys	Leu	Arg	Asn	Val	Gln	Pro	Gly	Phe	Leu				
				165					170					175					
Pro	His	Ala	Asp	Ala	Ala	Val	Lys	Gly	Lys	Gly	Ala	Ala	Ser	His	Lys				
			180					185					190						
Leu	Ile	Pro	Tyr	Ile	Gly	Tyr	Pro	Gly	Ile	Ala	Met	Trp	Gln	Phe	Met				
		195					200					205							
Pro	Ser	Ala	Val	Leu	Asp	Thr	Ser	Arg	Asp	His	Leu	Leu	Arg	Pro	Pro				
	210					215					220								
Val	Ala																		
225																			
<210>	43																		
<211>	699																		

ES 2 396 412 T3

<212> ADN

<213> *Vigna unguiculata*

<400> 43

```
atggacatga attcctcaag tggcgcctcc ggttggtttt atgattatgg ttttgatata 60
cctggtgctg gtgctgactt catgggttgc gcagactctg gaggttttag ttgggggcct 120
caaaatcaca ccttgaaggg tccttcacat acgagcttgg aaatggaata ctactggat 180
tcaactgttc tggaaaatag tccttcaaag cggtaagga ctgagtcatg tgcactggc 240
gccaaggcgt gtcgcgaaaa aatgcgaagg gataaactga atgatagggt tctggaattg 300
agttccatct tggagcctgg taggcgccc aaaacagaca aagttgcaat attaagtgat 360
gctgctcgag tggtagtcca attgagaaat gaaaccgaga ggcttaagga aatgaatgat 420
gaactacagg gaaaagttaa agaattgaag gctgagaaga atgagcttcg tgatgagaag 480
aatatgctga aggatgagaa agaaaagttg gagcaacagg taaaactgac aaatatacat 540
aacagtttcg tcctcaagc ccaagctgct aaaggacaag ttggtagcca caagctgata 600
cctttcattg gctatcctgg aattgctatg tggcagttta tgctcctgc tgcagttgat 660
5 acatcaaagg atcatctgct tcgacctcca gttgcataa 699
```

<210> 44

<211> 232

<212> PRT

<213> *Vigna unguiculata*

10 <400> 44

ES 2 396 412 T3

Met Asp Met Asn Ser Ser Ser Gly Ala Ser Gly Trp Leu Tyr Asp Tyr
 1 5 10 15

Gly Phe Asp Ile Pro Val Ala Gly Ala Asp Phe Met Val Ala Ala Asp
 20 25 30

Ser Gly Gly Phe Ser Trp Gly Pro Gln Asn His Thr Leu Lys Gly Pro
 35 40 45

Ser His Thr Ser Leu Glu Met Glu Tyr Ser Leu Asp Ser Thr Val Leu
 50 55 60

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

Ala Lys Ala Cys Arg Glu Lys Met Arg Arg Asp Lys Leu Asn Asp Arg
 85 90 95

Phe Leu Glu Leu Ser Ser Ile Leu Glu Pro Gly Arg Pro Pro Lys Thr
 100 105 110

Asp Lys Val Ala Ile Leu Ser Asp Ala Ala Arg Val Val Val Gln Leu
 115 120 125

Arg Asn Glu Thr Glu Arg Leu Lys Glu Met Asn Asp Glu Leu Gln Gly
 130 135 140

Lys Val Lys Glu Leu Lys Ala Glu Lys Asn Glu Leu Arg Asp Glu Lys

ES 2 396 412 T3

atggacatga attcctcaag tggcgcctcc gggtggcttt atgattatgg ctttgatata 60
cctggtgctg gtgctgactt catggctgca gcagactctg gaggttttag ttggggccct 120
caaaatcaca ccttaaaggc tccttcaaat acaagcttgg atatggaata ctcaactggat 180
tcaactgtcc tggaaaatgg tccttcaaag cggttaagga ctgagtcatg tgcactctggc 240
gcccaaggcat gtcgcgaaaa attgcgaagg gataaactga atgagagggt tctggaattg 300
agttccatct tggagcctgg taggccgcc aaaacagaca aagttgtaat attaagtgat 360
gctgttcgag cggtagtcca attgagaaat gaagccgaga ggcttaagga aatgaacgat 420
gaattacagg gaaaagttaa agaattgaag gctgagaaga atgagcttcg tgatgagaag 480
aatatgctga aggaagagaa agaaaagttg gagcaacagg taaaactgac aaatgttatg 540
cggcacagct tcctgcctca agccccagct gctaaagaac aagttggtag ccacaagctg 600
atacctttca ttggctatcc tgggaattgct atgtggcagt ttatgcccc tgctgcagtg 660
gatacatcaa aggatcatct gcttcgacct ccagttgcat aa 702

<210> 46

<211> 233

<212> PRT

5 <213> Desconocido

<220>

<223> Secuencia sintética

<400> 46

ES 2 396 412 T3

Met Asp Met Asn Ser Ser Ser Gly Ala Ser Gly Trp Leu Tyr Asp Tyr
 1 5 10 15

Gly Phe Asp Ile Pro Val Ala Gly Ala Asp Phe Met Ala Ala Ala Asp
 20 25 30

Ser Gly Gly Phe Ser Trp Gly Pro Gln Asn His Thr Leu Lys Ala Pro
 35 40 45

Ser Asn Thr Ser Leu Asp Met Glu Tyr Ser Leu Asp Ser Thr Val Leu
 50 55 60

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

Ala Lys Ala Cys Arg Glu Lys Leu Arg Arg Asp Lys Leu Asn Glu Arg
 85 90 95

Phe Leu Glu Leu Ser Ser Ile Leu Glu Pro Gly Arg Pro Pro Lys Thr
 100 105 110

Asp Lys Val Val Ile Leu Ser Asp Ala Val Arg Ala Val Val Gln Leu
 115 120 125

Arg Asn Glu Ala Glu Arg Leu Lys Glu Met Asn Asp Glu Leu Gln Gly
 130 135 140

Lys Val Lys Glu Leu Lys Ala Glu Lys Asn Glu Leu Arg Asp Glu Lys
 145 150 155 160

Asn Met Leu Lys Glu Glu Lys Glu Lys Leu Glu Gln Gln Val Lys Leu
 165 170 175

Thr Asn Val Met Arg His Ser Phe Leu Pro Gln Ala Pro Ala Ala Lys
 180 185 190

Glu Gln Val Gly Ser His Lys Leu Ile Pro Phe Ile Gly Tyr Pro Gly
 195 200 205

Ile Ala Met Trp Gln Phe Met Pro Pro Ala Ala Val Asp Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp His Leu Leu Arg Pro Pro Val Ala
 225 230

ES 2 396 412 T3

<210> 47

<211> 783

<212> ADN

<213> *Medicago truncatula*

5 <400> 47

```

atggatatgg attcaacagg tggttcctcc atttggctct atgattatgg ctatgatgat      60
atatctatTT ctgctgctga tttcatggct tctgactctt ctgctgctgc ttctactttc      120
acctggatgc ctcagcctca gtctcagact cagatcatca atcctccttc ctcccatatg      180
agcttggaaa tggattactc cctggattca actgtaatgg aaagtaaccc ttcaaagcgc      240
atggaaatgg aatactcact ggattcaaca gtactggaaa acggcccttc aaagcggtta      300
aggacagaat catatgcate tagctccaag gcaggctcgt agaaagtgcg aagggataaa      360
ttgaatgaca ggtttatgga attgagttct gtcttagagc ctgatacact gcccAAAACA      420
gacaaggtta gcctattaaa tgacgcgggt cgagtggtga cccaattaag aatgaagct      480
gagaggctca aggaaaggaa tgatgaattg cgcgaaaaag ttaaagaact taaggccgag      540
aagaaagagc ttcgtgatga gaaaaataag ctgaagctag acaaagaaaa gttggaacag      600
caagtcaaat tagcaagtgt acagtccaac ttctctctta atgcaatggc tgctaaagga      660
caaactgcta accacaagct gatgcctttc atttggttatc ctggaatttc aatgtggcag      720
tttatgtcac ctgctacagt tgatacatca caggatcate tgettcgacc tccagttgct      780
taa                                                                                   783

```

<210> 48

<211> 260

<212> PRT

10 <213> *Medicago truncatula*

<400> 48

ES 2 396 412 T3

Met Asp Met Asp Ser Thr Gly Gly Ser Ser Ile Trp Leu Tyr Asp Tyr
 1 5 10 15

Gly Tyr Asp Asp Ile Ser Ile Ser Ala Ala Asp Phe Met Ala Ser Asp
 20 25 30

Ser Ser Ala Ala Ala Ser Thr Phe Thr Trp Met Pro Gln Pro Gln Ser
 35 40 45

Gln Thr Gln Ile Ile Asn Pro Pro Ser Ser His Met Ser Leu Glu Met
 50 55 60

Asp Tyr Ser Leu Asp Ser Thr Val Met Glu Ser Asn Pro Ser Lys Arg
 65 70 75 80

Met Glu Met Glu Tyr Ser Leu Asp Ser Thr Val Leu Glu Asn Gly Pro
 85 90 95

Ser Lys Arg Leu Arg Thr Glu Ser Tyr Ala Ser Ser Ser Lys Ala Gly

ES 2 396 412 T3

	100		105		110														
Arg	Glu	Lys	Val	Arg	Arg	Asp	Lys	Leu	Asn	Asp	Arg	Phe	Met	Glu	Leu				
		115					120					125							
Ser	Ser	Val	Leu	Glu	Pro	Asp	Thr	Leu	Pro	Lys	Thr	Asp	Lys	Val	Ser				
	130					135					140								
Leu	Leu	Asn	Asp	Ala	Val	Arg	Val	Val	Thr	Gln	Leu	Arg	Asn	Glu	Ala				
145					150					155					160				
Glu	Arg	Leu	Lys	Glu	Arg	Asn	Asp	Glu	Leu	Arg	Glu	Lys	Val	Lys	Glu				
				165					170					175					
Leu	Lys	Ala	Glu	Lys	Lys	Glu	Leu	Arg	Asp	Glu	Lys	Asn	Lys	Leu	Lys				
			180					185					190						
Leu	Asp	Lys	Glu	Lys	Leu	Glu	Gln	Gln	Val	Lys	Leu	Ala	Ser	Val	Gln				
		195					200					205							
Ser	Asn	Phe	Leu	Ser	Asn	Ala	Met	Ala	Ala	Lys	Gly	Gln	Thr	Ala	Asn				
	210					215					220								
His	Lys	Leu	Met	Pro	Phe	Ile	Gly	Tyr	Pro	Gly	Ile	Ser	Met	Trp	Gln				
225					230					235					240				
Phe	Met	Ser	Pro	Ala	Thr	Val	Asp	Thr	Ser	Gln	Asp	His	Leu	Leu	Arg				
				245					250					255					

Pro Pro Val Ala
260

<210> 49

<211> 576

<212> ADN

5 <213> *Glycine max*

<400> 49

ES 2 396 412 T3

atgggcacca aactatttca cacattgctc ctccctctctt acgccctctc caatgtcata 60
ggagaagaaa caggcttcgt gggcacacta caccccaaat ccttaggtct tcacaagaaa 120
caaaccctaa gccacttcaa attctactgg cacgacatag tgagcagtgg agccaactcc 180
acctcagcca cagtcatccc accactcccc aaatacaaca caagcacttc cttcggcatg 240
gttaacgtga tggacaacc cttgacgttg ggccccgaga tgggctccaa gctcgtgggc 300
cgggccgagg ggttctacgc actaacatca caatcccaga tcaatttgct catggtcatg 360
aactttgcct tgtttgaagg gaagtacaac gggagcacca taactatcgt ggggaggaac 420
gctgttagtg aaaatgaaaa ggatattcct gtggttggtg ggagtgggat ttttaagttt 480
gctaagggat atgctcatgc caagacctac ttctttgatc ccaagactgg ggatgctacc 540
actgagtaca acgtttatgt cctccataac gagtaa 576

<210> 50

<211> 191

5 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<400> 50

ES 2 396 412 T3

Met Gly Thr Lys Leu Phe His Thr Leu Leu Leu Leu Ser Tyr Ala Leu
1 5 10 15

Ser Asn Val Ile Gly Glu Glu Thr Gly Phe Val Gly Thr Leu His Pro
20 25 30

Lys Ser Leu Gly Leu His Lys Lys Gln Thr Leu Ser His Phe Lys Phe
35 40 45

Tyr Trp His Asp Ile Val Ser Ser Gly Ala Asn Ser Thr Ser Ala Thr
50 55 60

Val Ile Pro Pro Leu Pro Lys Tyr Asn Thr Ser Thr Ser Phe Gly Met
65 70 75 80

Val Asn Val Met Asp Asn Pro Leu Thr Leu Gly Pro Glu Met Gly Ser
85 90 95

Lys Leu Val Gly Arg Ala Glu Gly Phe Tyr Ala Leu Thr Ser Gln Ser
100 105 110

Gln Ile Asn Leu Leu Met Val Met Asn Phe Ala Leu Phe Glu Gly Lys
115 120 125

Tyr Asn Gly Ser Thr Ile Thr Ile Val Gly Arg Asn Ala Val Ser Glu
130 135 140

Asn Glu Lys Asp Ile Pro Val Val Gly Gly Ser Gly Ile Phe Lys Phe
145 150 155 160

Ala Lys Gly Tyr Ala His Ala Lys Thr Tyr Phe Phe Asp Pro Lys Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Thr Thr Glu Tyr Asn Val Tyr Val Leu His Asn Glu
180 185 190

<210> 51

<211> 576

<212> ADN

5 <213> *Glycine max*

<400> 51

ES 2 396 412 T3

atgtccacca aactactcct aaccctaato ctcatctctt acaccctctc caatgtcata 60
ggagaagaaa caggctttgt gggcacacta caccccaa at ccttaggtct tcacaagaaa 120
caaaccctaa gccacttcaa attctactgg catgacatag tgagcagtgg agccaactcc 180
acctcagcca caatcatccc accactcccc aaatacaaca caaccacttc cttcggcatg 240
gtcaacgtca tggacaacct cttgactctg ggccccgagc tgggctccaa gctcgtgggc 300
cgggccgagg ggttctatgc cctaacctca cagtcccaga tcaacttgct tatggtcatg 360
aactttgcct tgtttgaagg gaagtacaac gggagcacca taactatcgt ggggaggaac 420
gctgttagtg aaaatgaaaa ggatattcct gtggttggtg gaagtggggt ttttaagttt 480
gctaaaggct atgctcatgc caagacctac ttctttgatc ccaagactgg ggatgctacc 540
actgagtaca acatctatgt ccttcattac gagtaa 576

<210> 52

<211> 191

<212> PRT

5 <213> *Glycine max*

<400> 52

ES 2 396 412 T3

Met Ser Thr Lys Leu Leu Leu Thr Leu Ile Leu Ile Ser Tyr Thr Leu
1 5 10 15

Ser Asn Val Ile Gly Glu Glu Thr Gly Phe Val Gly Thr Leu His Pro
20 25 30

Lys Ser Leu Gly Leu His Lys Lys Gln Thr Leu Ser His Phe Lys Phe
35 40 45

Tyr Trp His Asp Ile Val Ser Ser Gly Ala Asn Ser Thr Ser Ala Thr
50 55 60

Ile Ile Pro Pro Leu Pro Lys Tyr Asn Thr Thr Thr Ser Phe Gly Met
65 70 75 80

Val Asn Val Met Asp Asn Pro Leu Thr Leu Gly Pro Glu Leu Gly Ser
85 90 95

Lys Leu Val Gly Arg Ala Glu Gly Phe Tyr Ala Leu Thr Ser Gln Ser
100 105 110

Gln Ile Asn Leu Leu Met Val Met Asn Phe Ala Leu Phe Glu Gly Lys
115 120 125

Tyr Asn Gly Ser Thr Ile Thr Ile Val Gly Arg Asn Ala Val Ser Glu
130 135 140

Asn Glu Lys Asp Ile Pro Val Val Gly Gly Ser Gly Val Phe Lys Phe
145 150 155 160

Ala Lys Gly Tyr Ala His Ala Lys Thr Tyr Phe Phe Asp Pro Lys Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Thr Thr Glu Tyr Asn Ile Tyr Val Leu His Tyr Glu
180 185 190

<210> 53

<211> 570

5 <212> ADN

<213> *Vigna unguiculata*

<400> 53

ES 2 396 412 T3

atggccaccc aattgctcct cacactgttc cttctctcct tcaccgtcgc caccatccaa 60
 gcagaagaca ccggctacgt gggcacagtg gatcccaaat cccttggcct caacaagaaa 120
 aaaaccctaa gccacttttag actctactgg caggacgtca tcagcggctc caacgccacc 180
 gccataaaca tcatcccggc aatccccaag tacaacacca ccacctcctt cggtccgctc 240
 accgtcaccg acaacgcctt gaccgtcgga cccgaactca gctccaaggt tgtgggaaga 300
 tccgaaggaa tctacgcctt gacgtcgcag tcgcaggtta ctctcctcat ggtgatgaac 360
 ttcgtcttga cggaaggaaa gtacaacggg agcagcttaa ctatcgtggg gaggaacgtg 420
 gcttacgatg aacagaaaaga gttgcctgtg gttgggtgaa gtggggtttt caagtttgc 480
 acaggttacg ctcatgctaa gacctatcac tttgacccta ccaccggtga tgctaccact 540
 gagtacaaca tctacgtctt ccattattga 570

<210> 54

<211> 189

<212> PRT

5 <213> *Vigna unguiculata*

<400> 54

Met Ala Thr Gln Leu Leu Leu Thr Leu Phe Leu Leu Ser Phe Thr Val
 1 5 10 15

Ala Thr Ile Gln Ala Glu Asp Thr Gly Tyr Val Gly Thr Val Asp Pro
 20 25 30

Lys Ser Leu Gly Leu Asn Lys Lys Lys Thr Leu Ser His Phe Arg Leu
 35 40 45

Tyr Trp Gln Asp Val Ile Ser Gly Ser Asn Ala Thr Ala Ile Asn Ile
 50 55 60

Ile Pro Ala Ile Pro Lys Tyr Asn Thr Thr Thr Ser Phe Gly Ser Val

ES 2 396 412 T3

65	70	75	80
Thr Val Thr Asp	Asn Ala Leu Thr Val Gly Pro Glu Leu Ser Ser Lys		
	85	90	95
Val Val Gly Arg Ser Glu Gly Ile Tyr Ala Leu Thr Ser Gln Ser Gln			
	100	105	110
Val Thr Leu Leu Met Val Met Asn Phe Val Leu Thr Glu Gly Lys Tyr			
	115	120	125
Asn Gly Ser Ser Leu Thr Ile Val Gly Arg Asn Val Ala Tyr Asp Glu			
	130	135	140
Gln Lys Glu Leu Pro Val Val Gly Gly Ser Gly Val Phe Lys Phe Ala			
	145	150	155
Thr Gly Tyr Ala His Ala Lys Thr Tyr His Phe Asp Pro Thr Thr Gly			
	165	170	175
Asp Ala Thr Thr Glu Tyr Asn Ile Tyr Val Phe His Tyr			
	180	185	

<210> 55

<211> 570

<212> ADN

5 <213> Desconocido

<220>

<223> Secuencia sintética

<400> 55

ES 2 396 412 T3

atggccaccc aactgctcct cacgctgttc cttctctctt tcaccctcac caccatcaaa 60
gcagaagaca ctggcttcgt gggcacagtg gatcccaaat ccctaggcct caacaagaaa 120
caaaccctaa gccacttcag attctactgg cacgacatca taagcggtc caacgccaca 180
gccgtagaga tcatcgagcc acttcccaag tacaacacca ccacctcctt cggctccgtc 240
accgtgacgg acaacgcctt gaccctggga cccgaactga gtcceaagg ggtgggaaga 300
tccgaaggaa tctacgcctt gacgtcgcag tgcaggtta ctctgctcat ggtgatgaac 360
tttgtcttgt cggaagggaa gtacaacggg agcggcataa ctatcgtggg gaggaacgtg 420
gcctatgaag aagccaaaga gttgcctgtg attggtggaa gtggggtttt caagtttgc 480
acagggtatg ctaaggcaaa gacctactac tttgaccca aaactggtga tgctaccact 540
gagtacaaca tctatgtttt ccattactga 570

<210> 56

<211> 189

<212> PRT

5 <213> Desconocido

<220>

<223> Secuencia sintética

<400> 56

ES 2 396 412 T3

Met Ala Thr Gln Leu Leu Leu Thr Leu Phe Leu Leu Ser Phe Thr Leu
1 5 10 15

Thr Thr Ile Lys Ala Glu Asp Thr Gly Phe Val Gly Thr Val Asp Pro
20 25 30

Lys Ser Leu Gly Leu Asn Lys Lys Gln Thr Leu Ser His Phe Arg Phe
35 40 45

Tyr Trp His Asp Ile Ile Ser Gly Ser Asn Ala Thr Ala Val Glu Ile
50 55 60

Ile Glu Pro Leu Pro Lys Tyr Asn Thr Thr Thr Ser Phe Gly Ser Val
65 70 75 80

Thr Val Thr Asp Asn Ala Leu Thr Leu Gly Pro Glu Leu Ser Ser Lys
85 90 95

Val Val Gly Arg Ser Glu Gly Ile Tyr Ala Leu Thr Ser Gln Ser Gln
100 105 110

Val Thr Leu Leu Met Val Met Asn Phe Val Leu Ser Glu Gly Lys Tyr
115 120 125

Asn Gly Ser Ala Ile Thr Ile Val Gly Arg Asn Val Ala Tyr Glu Glu
130 135 140

Ala Lys Glu Leu Pro Val Ile Gly Gly Ser Gly Val Phe Lys Phe Ala
145 150 155 160

Thr Gly Tyr Ala Lys Ala Lys Thr Tyr Tyr Phe Asp Pro Lys Thr Gly
165 170 175

Asp Ala Thr Thr Glu Tyr Asn Ile Tyr Val Phe His Tyr
180 185

<210> 57

<211> 1999

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> promotor

<222> (1)..(1999)

<400> 57

ES 2 396 412 T3

gtagtgcct tcatggatac caaaagagaa aatltgattt agtgcataca tataacaata	60
taacgccgca taataaact gtataaaca gtcatgtaac gatatgacag cagtaataca	120
gttccaagag acgttataat cgtatgcaat catatgcttg cgtagatttt ccaacagttt	180
tgtttcgttg ataggaggaa ctcaacactc tagggtagtg attggtagac actattagca	240
caaaaaatat taatlttact ctgatgttta ccaaaaaagt taccaatcaa atatttaaga	300
gatcgtactc ttccacggcg actctaaaaa ccaaaagatat aggttagact cataactact	360
ttataaagaa aatgtttaac gataactacc gagatctaataaataaacct tcatlttcaa	420
gtatattata tttgcttctt ttgtttatat atcaaaccaa gttctggttt ataaaaatat	480
tagataaaac tctctaaat aggtagggtg aaaataaaat tttaaatttt tatcgataat	540
atlttaaaatt tgaaggtta ataatgatcc acacatlttt tctaataattt aatlttagtaa	600
tttttgtatt aaataaaatt tcaatcatat acattcgatt tttctataca ttttaactat	660
ctatltctgc ataataaact gtatlttcat lltatagct tcatcttatg gatgatattt	720
aaatlttaaa tagtaattca tacactlttt aatatttaat ttagtatttt cttaaateca	780
aatlttaatc ltacaattta aatctact ltaacataat acaaatata ttttaattca	840
ttgtattaaa ttcaaatata atttgattat aataaaatac aatlttaate taaaagtec	900
atcttagatt ttaatlttcc ttttagttt tgaagattaa aaatlttaat ttattagata	960
tatatgttac tttttagtt ttctattta tttgaagaaa aaatltttt taacacatgt	1020
caacttgtaa acaatagact gaacacgtca ttttatatta tgttagttt tgaagattaa	1080
agtttaattaa atatlttatat ttctltttt tagctlttct aatltttt aaatagtaa	1140
atatltttaa tacaatcaa tatctgaaca atagatttga tacataacat aatctataa	1200
attatlaact tggaaaacga taglttatat aataaaatta ttttcttaag ttctctaacc	1260
ataacaatta aactatatt tagcgaagaa aagaagagaa taccgagaga acgcaactg	1320
cactaaaagc taccacttg gcaaatcact catttatatt attatatact atcacctcaa	1380
ttcaatcgaa acctcaaat aacactaata tatacacaaa gaaacaacag aataacaccg	1440
aagaatatag gtttaggaaa atccagaatt tgttgagact aaagagatca aatlttcgat	1500
acaaggttt gctcaatttg tattltcata ataaaattct ttatltcacc atagacttac	1560
atgattagtt tttctlttaa taaaaaaaa cacgcgacat gaaaattata ttatctcagt	1620
gttgtcgaat ttgaatttga atlttgagtt aaactataca catttgttga caacttatta	1680
aactttacaa gtctgtaca aatattgtca aatatttact aattaatgga ccaaaatcct	1740
ctaacttgca aatltgtatc tacatcaact taaaattag gaatatgca ccaaaaaaaaa	1800
aaaaactag gaataataat aaaaaatgg aatgatgtg aggaagctct ttactcttg	1860
agaggaagtt tataaattga ccacacattt agtctattat catcacatgt attaaactt	1920

ES 2 396 412 T3

gacaacttgt ctttctcaca ccaaaccct ctctctgtt tcataacatc tgetctttct 1980

tttttttctt aagcccta 1999

<210> 58

<211> 609

<212> ADN

5 <213> *Glycine max*

<220>

<221> promotor

<222> (1)..(609)

<400> 58

gaagccacgt catgaagagt atatcatttc agtaatgttt tgagacgcct ctataatgct 60

ttaccaacaa aacaaaacaa aaaaaagaac atttgaaacc atttgtatta aaaaaaaaaa 120

ggatatttag gccataatat tataggtaac atgaaatc aaatgacacg caagagtttt 180

gtcaaaaatg aaaccatcac acatcagaga ttatggcaaa taatgttttg tgtgtctctt 240

gcttcacca taacataagc ctctataact ggagagaaga aaaaaaaag tggaggggct 300

aggggtgggaa tttggaagaa tacagttata ttgagcattg agcaagttga tagaaagctt 360

ctcaatttgt acaaaatttg catccacatg attattaaag acgtagacag cacttcttcc 420

ttcttttttt ctataagttt cttatatatt gttcttcatg ttttaatat attactttat 480

gtacgcgtct aacagtagtc ctcccaaact gctataaata gagcctcttc aacgcacctc 540

ttggcagtac aaaaattatt catctcttct aagttctaatt tttctaagca ttcagtaaaa 600

10 gaactaacc 609

<210> 59

<211> 1476

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

15 <220>

<221> promotor

<222> (1)..(1476)

<400> 59

ES 2 396 412 T3

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 tgggctatgc 240
 atgaattaga ggtagtaat gtgtaatact tcataagtct agattttattt gttgggtaac 300
 acgttttagta attcacacac acacaccacc ttagatattt 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 ataatacatat gagtgatcga agttttgtatt tatataattca atcttcacaa 660
 actactttta tttaaaaatc atttgcaaaa tgctatttta 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 cacatatttc aaaaccaaag tttaccggac agagaaatat 1080
 ggtgtgtttt tctcaaacca agctaaatgg aatccattgt aaaccaaatt 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 agaagaaac 1380
 attctttttt ttgttctatt tcttcatgt aggtatgtag ctgtatatta tactatcttg 1440
 tattttcgat atcgtgctgg aactgtcaca gatgca 1476

<210> 60

<211> 325

5 <212> ADN

<213> *Petroselinum crispum*

ES 2 396 412 T3

<400> 60

```
aattogaatc caaaaattac ggatatgaat ataggcatat ccgtatccga attatccgtt      60
tgacagctag caacgattgt acaattgctt ctttaaaaaa ggaagaaaga aagaaagaaa      120
agaatcaaca tcagcgtaa  caaacggccc cgttacggcc caaacgggtca tatagagtaa      180
cggcgtaag  cgttgaaaga ctctatcga  aatacgtaac cgcaaactg  tcatagtcag      240
atcccccttt ccttcaccgc ctcaaacaca aaaataatct tctacagcct atatatacaa      300
cccccccttc tatctctctt ttctc                                           325
```

REIVINDICACIONES

1. Método de preparación de una planta transgénica resistente a nematodos, comprendiendo el método las etapas de:
 - 5 a) proporcionar un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111B que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38;
 - b) transformar una célula vegetal con el vector de expresión recombinante;
 - c) regenerar plantas transgénicas a partir de la célula vegetal transformada; y
 - 10 d) seleccionar plantas transgénicas que demuestran una resistencia aumentada a la infección por nematodos parásitos de plantas en comparación con plantas de tipo natural que no comprenden el vector de expresión recombinante.
2. Planta transgénica resistente a nematodos que comprende un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína rica en serina-arginina que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38.
- 15 3. Semilla que es una línea pura para un transgén que comprende un vector de expresión recombinante que comprende un promotor específico de raíz en asociación operativa con un polinucleótido que codifica para una proteína de tipo AVR9-elicited_111B que comprende los aminoácidos 1 a 226 de SEQ ID NO: 38.

Figura 1a/4

<u>Nombre del gen o promotor</u>	<u>Especie</u>	<u>SEQ ID NO:</u>
ADN de GmSerine-Arginine-rich	<i>Glycine max</i>	1
Proteína GmSerine-Arginine-rich	<i>Glycine max</i>	2
ADN de TA52573_3847	<i>Glycine max</i>	3
Proteína TA52573_3847	<i>Glycine max</i>	4
ADN de TA52574_3847	<i>Glycine max</i>	5
Proteína TA52574_3847	<i>Glycine max</i>	6
ADN de SRich Gsoja	<i>synthetic</i>	7
Proteína SRich Gsoja	<i>synthetic</i>	8
ADN de TA12732_47664	<i>P. tremula x P. tremuloides</i>	9
Proteína TA12732_47664	<i>P. tremula x P. tremuloides</i>	10
ADN de TA15414_3694	<i>Populus trichocarpa</i>	11
Proteína TA15414_3694	<i>Populus trichocarpa</i>	12
ADN de TA28460_3708	<i>Brassica napus</i>	13
Proteína TA28460_3708	<i>Brassica napus</i>	14
ADN de CAC03604_At	<i>Arabidopsis thaliana</i>	15
Proteína CAC03604_At	<i>Arabidopsis thaliana</i>	16
ADN de TA24252_4113	<i>Solanum tuberosum</i>	17
Proteína TA24252_4113	<i>Solanum tuberosum</i>	18
ADN de TA26184_4113	<i>Solanum tuberosum</i>	19
Proteína TA26184_4113	<i>Solanum tuberosum</i>	20
ADN de TA39514_4081	<i>Solanum lycopersicon</i>	21
Proteína TA39514_4081	<i>Solanum lycopersicon</i>	22
ADN de TA8600_4100	<i>Nicotiana benthamiana</i>	23
Proteína TA8600_4100	<i>Nicotiana benthamiana</i>	24
ADN de TA15942_4097	<i>Nicotiana tabacum</i>	25
Proteína TA15942_4097	<i>Nicotiana tabacum</i>	26

Figura 1b/4

ADN de TA23961_3880	<i>Medicago truncatula</i>	27
Proteína TA23961_3880	<i>Medicago truncatula</i>	28
ADN de AAG51556_At	<i>Arabidopsis thaliana</i>	29
Proteína AAG51556_At	<i>Arabidopsis thaliana</i>	30
ADN de AAK93651_At	<i>Arabidopsis thaliana</i>	31
Proteína AAK93651_At	<i>Arabidopsis thaliana</i>	32
ADN de ABF96206_Os	<i>Oryza sativa</i>	33
Proteína ABF96206_Os	<i>Oryza sativa</i>	34
ADN de TA44013_29760	<i>Vitis vinifera</i>	35
Proteína TA44013_29760	<i>Vitis vinifera</i>	36
ADN de AVR9-elicited_111B	<i>Glycine max</i>	37
Proteína AVR9-elicited_111B	<i>Glycine max</i>	38
ADN de GmbHLH_47172355	<i>Glycine max</i>	39
Proteína GmbHLH_47172355	<i>Glycine max</i>	40
ADN de TA11822_34305	<i>Lotus japonicus</i>	41
Proteína TA11822_34305	<i>Lotus japonicus</i>	42
ADN de FF401851_Vigna	<i>Vigna unguiculata</i>	43
Proteína FF401851_Vigna	<i>Vigna unguiculata</i>	44
ADN de bHLH_Phaseolus	<i>synthetic</i>	45
Proteína bHLH_Phaseolus	<i>synthetic</i>	46
ADN de EV256603_Medicago	<i>Medicago truncatula</i>	47
Proteína EV256603_Medicago	<i>Medicago truncatula</i>	48
ADN de GmDirigent_59580836	<i>Glycine max</i>	49
Proteína GmDirigent_59580836	<i>Glycine max</i>	50
ADN de TA50990_3847	<i>Glycine max</i>	51
Proteína TA50990_3847	<i>Glycine max</i>	52
ADN de FF399867_Vu	<i>Vigna unguiculata</i>	53
Proteína FF399867_Vu	<i>Vigna unguiculata</i>	54
ADN de dirigent_Phaseolus	<i>synthetic</i>	55
Proteína dirigent_Phaseolus	<i>synthetic</i>	56
Promotor de tipo TPP	<i>Arabidopsis thaliana</i>	57
Promotor de tipo MIN3	<i>Glycine max</i>	58
Promotor At5g12170	<i>Arabidopsis thaliana</i>	59
Promotor PcUbi4-2	<i>Petroselinum crispum</i>	60

Figura 2a/4

SEQ ID NO:2	(1)	-MRGR--SYSPSPPPRYSRGGGRSPSPRG-RYPPRP---RQDLPTSL
SEQ ID NO:6	(1)	-MRGR--SYSPSPPPRYSRGGGRSPSPRG-RYPPRP---RQDLPTSL
SEQ ID NO:4	(1)	-MRGR--SYSPSPPPRH3RRGGGRSPSPRG-RYPPRP---RQDLPTSL
SEQ ID NO:8	(1)	-MRGR--SYSPSPPPRYSRGGGRSPSPRG-RYPPRP---RQDLPTSL
SEQ ID NO:10	(1)	-MRGR--SYSPSPPRGY-3RR--GRSPSPRG-RYGG-----RSRDLPTSL
SEQ ID NO:12	(1)	-MRGR--SYSPSPPRGY-3RR--GRSPSPRG-RYGG-----RSRDLPTSL
SEQ ID NO:14	(1)	-MRGR--SYTPSPPRGY-GRR--GRSPSPRG-RYGG---GRDRDLPTSL
SEQ ID NO:16	(1)	-MRGR--SYTPSPPRGY-GRR--GRSPSPRG-RYGG---GRDRDLPTSL
SEQ ID NO:18	(1)	-MRGR--SYSPSPPRGY-GRR--GRSPSPRG-RYGG-----RSDDLPTSL
SEQ ID NO:20	(1)	-MRRR--SYSPSPQRGY-GRR--GRSPSPRG-RYGG-----HSRDGPTSL
SEQ ID NO:22	(1)	-MRRR--SYSPSPPRGY-GRR--GRSPSPRG-RYAG-----HGRDGPTSL
SEQ ID NO:24	(1)	-MRRR--SYSPSPPRGY-GSRG-GRSPSPRG-RYGG-----RSRDAPTSL
SEQ ID NO:26	(1)	-MRRR--SYSPSPPRGY-GRRG-GRSPSPRG-RYGG-----RSRDAPTSL
SEQ ID NO:36	(1)	-MRGR--SYSPSPPRAY-GRR--GRSPSPRG-RYGG---GSARDLPTSL
SEQ ID NO:28	(1)	-MRGRSYSPSPPRRYGGRR---RSPSPRG-RYGGRYRGRDRDLPTSL
SEQ ID NO:30	(1)	-MRGR--SYTPSPPRGY-GRR--GRSPSPRG-RYGG-----RSRDLPTSL
SEQ ID NO:32	(1)	-MRGR--SYTPSPPRGY-GRR--GRSPSPRG-RYGG-----RSRDLPTSL
SEQ ID NO:34	(1)	MGRGY--DYGSPPREY-RRR--ARSPSPRG-RYGG-----RDRDLPTSL
SEQ ID NO:2	(44)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPLKDIYLPKDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:6	(44)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPLKDIYLPKDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:4	(44)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPLKDIYLPKDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:8	(15)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPLKDIYLPKDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:10	(39)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFEQFGALKDIYLPDYTTGEPRGFGFVQYADPH
SEQ ID NO:12	(39)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFEQFGALKDIYLPDYTTGEPRGFGFVQYADPH
SEQ ID NO:14	(40)	LVRNLRHDCRQEDLRRPFEQFGPVKDIYLPDYTTGDPRGFGFIQYVDP
SEQ ID NO:16	(40)	LVRNLRHDCRQEDLRRPFEQFGPVKDIYLPDYTTGDPRGFGFIQVMDPA
SEQ ID NO:18	(40)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPVKDIYLPDYTTREPRGFGFIQYLDPA
SEQ ID NO:20	(39)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPVKDIYLPKDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:22	(39)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPVKDIYLPKDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:24	(40)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPVKDIYLPDYTTGQPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:26	(40)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPVKDIYLPDYTTGQPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:36	(41)	LVRNLRHDCRQEDLRRPFGQFGPLKDIYLPDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:28	(46)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGQFGPVKDIYLPDYTTGEPRGFGFVQVDP
SEQ ID NO:30	(39)	LVRNLRHDCRQEDLRRPFEQFGPVKDIYLPDYTTGDPRGFGFVQVMDPA
SEQ ID NO:32	(39)	LVRNLRHDCRQEDLRRPFEQFGPVKDIYLPDYTTGDPRGFGFVQVMDPA
SEQ ID NO:34	(40)	LVRNLRHDCRPEDLRRPFGKFGPVKDIYLPDYTTGEPRGFGFIQYVDP
SEQ ID NO:2	(94)	DAADAKYHMDGQVLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRTRE-----RGRFSD
SEQ ID NO:6	(94)	DAADAKYHMDGQVLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRTRE-----RGRFSD
SEQ ID NO:4	(94)	DAADAKYHMDGQVLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRTRE-----RGRFYD
SEQ ID NO:8	(65)	DAADAKYHMDGQVLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRTRE-----RGRFYD
SEQ ID NO:10	(89)	DAAEAKHHMDGRVFLGRELTVVFAEENRKKPVDMRARERTAT--RGRVGD
SEQ ID NO:12	(89)	DAAEAKHHMDGRVFLGRELTVVFAEENRKKPVDMRARERTAT--RGRVGD
SEQ ID NO:14	(90)	DAAEAKHHMEGYLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRTDRGGR--SNRFND
SEQ ID NO:16	(90)	DAAEAKHQMDGYLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRTDRGGR--SNRFQD
SEQ ID NO:18	(90)	DAAEAKYQMDGQAFQGRQLTVVFAEENRKKPQEMRARE--GSGRGGNYD
SEQ ID NO:20	(89)	DAADAKYQMDGQGFQGRQLTVVFAEENRKKPTEMRERSGSHRSSRSD
SEQ ID NO:22	(89)	DAADAKYQMDGQGFQGRQLTVVFAEENRKKPTEMRERSGSHRSSRSD
SEQ ID NO:24	(90)	DAAEAKYQMDGQGFQGRQLTVVFAEENRKKPTEMRERERSGSGRS-RSYD
SEQ ID NO:26	(90)	DAAEAKYQMDGQGFQGRQLTVVFAEENRKKPTEMRERERSGSGRS-RSYD
SEQ ID NO:36	(91)	DAAEAKYQMDGQILHGRELTVVFAEENRKKPDMRARERG-----RGRFYD
SEQ ID NO:28	(96)	DAADAKYHMDGQVLLGRELTVVFAEENRKKPQEMRARE-----GRSYD
SEQ ID NO:30	(89)	DAADAKHHMDGYLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRARERG-----GRFRD
SEQ ID NO:32	(89)	DAADAKHHMDGYLLGRELTVVFAEENRKKPTEMRARERG-----GRFRD
SEQ ID NO:34	(90)	DAADAKYHMDGQILLGREVTTVVFAEENRKKPSEMRARERVGS--RDRSYD

Figura 2b/4

SEQ ID NO:2	(139)	RRRSPPRY-SRS--PRYSRSPRYSRSPPPRHRSRSHSRDYYSPP--KRREY
SEQ ID NO:6	(139)	RRRSPPRY-SRS--PRYSRSPPP-----RHRSRSHSRDYYSPP--KRREY
SEQ ID NO:4	(139)	RRRSPPRY-SRS--PRYSRSPPP-----RHRSRSRSDYYSPPAKRREY
SEQ ID NO:8	(110)	RRRSPPRY-SRS--PRYSRSPPP-----RHRSRSRSDYYSPPAKRREY
SEQ ID NO:10	(137)	RRRSPPRY-SRS--PRHSRSPPP-----RHATSRSHSRDFYSPP-KRRHH
SEQ ID NO:12	(137)	RRRSPPRY-SRS--PRHSRSPPP-----RHATSRSHSRDYYSPP-KRRHP
SEQ ID NO:14	(138)	RRRSPPRY-SRSPPP-----RRGGTRSRSRRE-YNSPPPKRHQ
SEQ ID NO:16	(138)	RRRSPPRY-SRSPP-----RRGRSRSRSCGYNSPP-AKRHQ
SEQ ID NO:18	(139)	RRGTPPRY-HNSP--RYSRSPPP-----RGRDYYSPP-KRRQY
SEQ ID NO:20	(139)	RRRTPP--SR-----YARAGS-----HSRD-YSP--KRRQY
SEQ ID NO:22	(139)	RRRTPP--SR-----YARPG-----SHSRD-YSP--KRRPY
SEQ ID NO:24	(139)	RRRYSPOY-SRSPPPRYARSPS-----RSHG---YSP--KRRQY
SEQ ID NO:26	(139)	RRRYSPOY-SRSPPPRYARS-----SRG-YSP--KRRQY
SEQ ID NO:36	(137)	RRRSPLRY-SRSPPPRHARSP-----SRGRDYYSPPSPKRRQY
SEQ ID NO:28	(140)	YRRSPRRR-SRS--PRYARTY-----SRSPDYTPSP-RPRRY
SEQ ID NO:30	(135)	RRRTPPRYYSRS-----RSPPP--RRGR-SRSRSGDYYSPP-PRRHH
SEQ ID NO:32	(135)	RRRTPPRYYSRS-----RSPPP--RRGR-SRSRSGDYYSPP-PRRHH
SEQ ID NO:34	(138)	RRSRSPRY-SRS-----RSP-----VYSRSPSRSR-SYSPAPKRKHY
SEQ ID NO:2	(184)	SRSVSPERRYSRERSYSQHNREERSFS-----RSPPYNGG-----
SEQ ID NO:6	(178)	SRSVSPERRYSRERSYSQHNREERSYS-----RSPPYNGG-----
SEQ ID NO:4	(180)	SRSVSPEDRRYSRERSFSQHSRERSYS-----RSPPYNGG-----
SEQ ID NO:8	(151)	SRSVSPEDRRYSRERSFSQHSRERSYS-----RSPPYNGG-----
SEQ ID NO:10	(178)	SRSVSPRERRYQE-----RSYS-----RSRSHSOTP----
SEQ ID NO:12	(178)	SRSVSPRERRYQE-----RSYS-----RSRSHSOTP----
SEQ ID NO:14	(174)	SRSVSPQERRYKE-----RSYS-----RSPPRHG-----
SEQ ID NO:16	(173)	SRSVSPQDRRYEKE-----RSYS-----RSPPHNG-----
SEQ ID NO:18	(173)	SRSVSPEEKYSRE-----RSYSPRGGQGRAYSQSPPREQSPP-FN
SEQ ID NO:20	(165)	SRSVSPEEKYSRE-----RSYS-----RSPPRGLSPPPHN
SEQ ID NO:22	(165)	SRSVSPEEKYSRE-----RSYS-----RSPPRDLSPPHN
SEQ ID NO:24	(172)	SRSVSPEEKYSRE-----RSYS-----RSPARDISPP-YN
SEQ ID NO:26	(170)	SRSVSPEEKYSRE-----RSYS-----RSPARDISPP-YN
SEQ ID NO:36	(173)	SRSVSPQDRRYSRDRSYTPDGRRSYTP-----RSPPYNG-----
SEQ ID NO:28	(173)	SRSISPRDERYRR-----RSYS-----RSP-----YR
SEQ ID NO:30	(173)	PRISPREERYDG-----RRSYS-----RSPASDG-----
SEQ ID NO:32	(173)	PRISPREERYDG-----RRSYS-----RSPASDG-----
SEQ ID NO:34	(174)	S-SRSPARR-----ERSLS-----RSPADSR-----
SEQ ID NO:2	(219)	-SRSRSQSPAKG-----PG--RSRSPSLNRDEREPARGRSPSQ---
SEQ ID NO:6	(213)	-SRSRSQSPAKG-----PV--RSRSPSLNRDEREPARGRSPSQ---
SEQ ID NO:4	(215)	-SRSRSQSPAKG-----PG--QSRSPSPNRDGREPARGRSPSQ---
SEQ ID NO:8	(186)	-SRSRSQSPAKG-----PG--QSRSPSPNRDGREPARGRSPSQ---
SEQ ID NO:10	(205)	-NRGQIRSPARSARS-RSRSPRRSRSRSPIHDEYPKEVINGDKSPSP---
SEQ ID NO:12	(205)	-NRGQIRSPVRS----RSSSPRKSRSRSPIHDEYPKEVINGDKSPSP---
SEQ ID NO:14	(199)	-SRARSGSHEKAKKSYSGSRSPRRSVSPRRDRATLLIKPG-AWS-----
SEQ ID NO:16	(198)	-SRVRSQSPGRVKSHS---RSPRRSVSPRKNRSYTPQAR-SQSPVPRQS
SEQ ID NO:18	(213)	GSRSRSQSPVREHSPP---YNGSRSRSRSPVR-ARSPVRGHSRRLSPPSQG
SEQ ID NO:20	(196)	GSRSRSQTPVREHPY---NGSPRSRSPVRRERSPVRGHSR--SPSR
SEQ ID NO:22	(196)	GSRSRSQTPVREHPY---NGSPRSRSPVRRERSPVRGHSR--SPSR
SEQ ID NO:24	(202)	GSRSRSQTPVRKHSPP---DDGRRSRSPVK-ERFAVRVHSR--SPSR
SEQ ID NO:26	(200)	GSRSRSQTPVREHSPY---DDGRRSRSPVK-ERSPVRGHSR--SPSR
SEQ ID NO:36	(207)	-SRSRSQSPIRG-----ESPSRLQSRSPDPEDYPREAVRDRSPSE---
SEQ ID NO:28	(195)	SPYG-----SRSPDR-GRYSRISR--SPGYS
SEQ ID NO:30	(198)	-SRGRSLTPVRGKSR-SLTPALEEA-----
SEQ ID NO:32	(198)	-SRGRSLTPVRGKSR-SLSPRRSISRSPRRSRSPRRRSYTPPEARS
SEQ ID NO:34	(194)	-SRSRSLSDRR-----SKSPDRERSLSVSR-----

Figura 2c/4

SEQ ID NO:2	(254)	-----
SEQ ID NO:6	(248)	-----
SEQ ID NO:4	(250)	-----
SEQ ID NO:8	(220)	-----
SEQ ID NO:10	(250)	-----
SEQ ID NO:12	(246)	-----
SEQ ID NO:14	(241)	-----
SEQ ID NO:16	(243)	RSPTPVPRGAQNGDRSPSQ---
SEQ ID NO:18	(259)	HSRSPDAVHYSRNPDHDVSPRH
SEQ ID NO:20	(241)	----PGCAPYSP-----
SEQ ID NO:22	(241)	RSRSPGCAPYSP-----
SEQ ID NO:24	(246)	RS--PGDVHYSRDPDHDVSPRH
SEQ ID NO:26	(244)	RS--PGDVRYSRDPDHDVSPRH
SEQ ID NO:36	(246)	-----
SEQ ID NO:28	(220)	R-----
SEQ ID NO:30	(221)	-----
SEQ ID NO:32	(246)	RSQSPHG-GQYDEDRSPSQ---
SEQ ID NO:34	(219)	-----

Figura 3/4

SEQ ID NO: 40	(1)	MDMNSSGGACGWLYDYGFDDIP--VAGSDFMASDSG---GFSWGPQ-----
SEQ ID NO: 42	(1)	MEIDSSGDSC-WLYDYGFDDISVAAAADFVADSA---DFTWVP-----
SEQ ID NO: 48	(1)	MDMDSTGGSSIWLYDYGYDDISISAADFMASSAAASTFTWMPQPSQT
SEQ ID NO: 46	(1)	MDMNSSSGASGWLYDYGFDDIPVAGADFMVAADSG---GFSWGPQ-----
SEQ ID NO: 44	(1)	MDMNSSSGASGWLYDYGFDDIPVAGADFMVAADSG---GFSWGPQ-----
SEQ ID NO: 40	(41)	-----SYN-FKGPSNMSLEMEYSLDSTVMENGP SKRL
SEQ ID NO: 42	(41)	-----SNMNLEMEYSLDSTVFE SGP SKRL
SEQ ID NO: 48	(51)	QIINPPSSHMSLEMDYSLDSTVMESNPSKRMEMEYSLDSTVLENGP SKRL
SEQ ID NO: 46	(27)	-----NHTLKAPSNTSLDMEYSLDSTVLENGP SKRL
SEQ ID NO: 44	(42)	-----NHTLKGPSHTSLEMEYSLDSTVLENSP SKRL
SEQ ID NO: 40	(72)	RTESCASGSKACREKLRRDKLNERFLELSSILEPGRQPKTDKVALLSDAV
SEQ ID NO: 42	(65)	RTESSVSGSKACREKLRRDKLNERFLELSSILEPGRQPKTDKAAIISDAV
SEQ ID NO: 48	(101)	RTESYASSSKAGREKVRDRDKLDRFMELSSVLEPDTLPKTDKVSLLNDVAV
SEQ ID NO: 46	(58)	RTESCASGAKACREKLRRDKLNERFLELSSILEPGRPPKTDKVVISDAV
SEQ ID NO: 44	(73)	RTESCASGAKACREKMRRDKLDRFMELSSILEPGRPPKTDKVAIISDAV
SEQ ID NO: 40	(122)	RVVIQLRNEAERLKE MNDELQAKVKELKGEKNELRDEKNRLKEEKEKLEK
SEQ ID NO: 42	(115)	RVVTQLRNEAEKLE MNNDLQEKIKELKAEKNEIRDEKNKLDKEKLEK
SEQ ID NO: 48	(151)	RVVTQLRNEAERLKER NDELREKVKELKAEKELRDEKNKLDKEKLEQ
SEQ ID NO: 46	(108)	RAVVQLRNEAERLKE MNDELQGVKELKAEKNELRDEKNMLKEEKEKLEQ
SEQ ID NO: 44	(123)	RVVVQLRNETERLKE MNDELQGVKELKAEKNELRDEKNMLKDEKEKLEQ
SEQ ID NO: 40	(172)	QVKLTNI-QPSFLPQAPDAKGQ--VGS HKLIPFIGYPGIAMWQFMSPAAV
SEQ ID NO: 42	(165)	KVKLRNV-QPGFLPHADA AVKGGGAASHKLIPIYIGYPGIAMWQFMPSAVL
SEQ ID NO: 48	(201)	QVKLASV-QSNFLSNAMA AKGQ--TAN HKLMPFIGYPGISMWQFMSPATV
SEQ ID NO: 46	(158)	QVKLTNVMRHSFLPQAPAAKEQ--VGS HKLIPFIGYPGIAMWQFMPPAAV
SEQ ID NO: 44	(173)	QVKLTNI-HNSFVPAQA AKGQ--VGS HKLIPFIGYPGIAMWQFMPPAAV
SEQ ID NO: 40	(219)	DTSKDHLRPPVA
SEQ ID NO: 42	(214)	DTSRDHLRPPVA
SEQ ID NO: 48	(248)	DTSQDHLRPPVA
SEQ ID NO: 46	(206)	DTSKDHLRPPVA
SEQ ID NO: 44	(220)	DTSKDHLRPPVA

Figura 4/4

SEQ ID NO: 50	(1)	MGTKLFHTLLLLSYALSNVIGEETGFVGTLHPKSLGLHKKQTLSHFKFYW
SEQ ID NO: 52	(1)	MSTKLLLTLILISYTLNVIIGEETGFVGTLHPKSLGLHKKQTLSHFKFYW
SEQ ID NO: 56	(1)	MATQLLLTLFLLSFTLTITKAEDTGFVGTVDPKSLGLNKKQTLSHFRFYW
SEQ ID NO: 54	(1)	MATQLLLTLFLLSFTVATIQAEDTGYVGTVDPKSLGLNKKKTLSHFRLYW
SEQ ID NO: 50	(51)	HDIVSSGANSTSATVI PPLPKYNTSTSFGMVNMDNPLTLGPEMGSKLVG
SEQ ID NO: 52	(51)	HDIVSSGANSTSATIIPPLPKYNTTTSFGMVNMDNPLTLGPELGSKLVG
SEQ ID NO: 56	(33)	HDIIS-GSNATAVEIIEPLPKYNTTTSFGSVTVTDNALTLPPELSSKVVG
SEQ ID NO: 54	(51)	QDVIS-GSNATAINIIPAIPKYNTTTSFGSVTVTDNALTVPPELSSKVVG
SEQ ID NO: 50	(101)	RAEGFYALTSQSQINLLMVMNFALFEGKYNGSTITIVGRNAVSENEKDIP
SEQ ID NO: 52	(101)	RAEGFYALTSQSQINLLMVMNFALFEGKYNGSTITIVGRNAVSENEKDIP
SEQ ID NO: 56	(82)	RSEGIYALTSQSQVTLMLMVMNFVLSEGKYNGSAITIVGRNVAYEEAKELP
SEQ ID NO: 54	(100)	RSEGIYALTSQSQVTLMLMVMNFVLTEGKYNGSSLTIVGRNVAYDEQKELP
SEQ ID NO: 50	(151)	VGGSGIFKFAKGYAHAKTYFFDPKTGDATTEYNVYVLHNE
SEQ ID NO: 52	(151)	VGGSGVFKFAKGYAHAKTYFFDPKTGDATTEYNIYVLHYE
SEQ ID NO: 56	(132)	VIGGSGVFKFATGYAKAKTYFFDPKTGDATTEYNIYVFHY-
SEQ ID NO: 54	(150)	VGGSGVFKFATGYAHAKTYHFDPTTGDATTEYNIYVFHY-