

(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS
ESPAÑA



(11) Número de publicación: **2 403 281**

(51) Int. Cl.:

C07K 14/415 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **02.05.2008 E 09178578 (2)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **16.01.2013 EP 2230310**

(54) Título: **Plantas que tienen rasgos relacionados con producción mejorada y un método para elaborarlas**

(30) Prioridad:

05.07.2007 US 948036 P 29.06.2007 US 937989 P
06.06.2007 US 942214 P 08.05.2007 US 916575 P
19.06.2007 EP 07110557 29.05.2007 EP 07109068
19.06.2007 EP 07110548 29.05.2007 EP 07109052
11.06.2007 EP 07109961 03.05.2007 EP 07107448

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
17.05.2013

(73) Titular/es:

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

(72) Inventor/es:

HATZFELD, YVES;
SANZ MOLINERO, ANA ISABEL;
SHIRLEY, AMBER;
DARNIELLE, LALITREE;
FRANKARD, VALERIE;
VANDENABEELE, STEVEN y
MCKERSIE, BRYAN

(74) Agente/Representante:

CARVAJAL Y URQUIJO, Isabel

ES 2 403 281 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

Plantas que tienen rasgos relacionados con producción mejorada y un método para elaborarlas

La presente invención se relaciona de manera general con el campo de la biología molecular y se relaciona con un método para aumentar la producción de semilla en plantas al aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica una proteína similar a bHLH11 (Hélice-Bucle-Hélice 11 básica) bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media. La presente invención también se relaciona con plantas que tienen expresión aumentada de un ácido nucleico que codifica una proteína similar a bHLH11, cuyas plantas han aumentado la producción de semilla en relación con las plantas tipo natural correspondientes u otras plantas de control. La invención también proporciona construcciones útiles en los métodos de la invención.

10 La cada vez mayor población mundial y la disminución de suministro de tierra arable disponible para investigación de combustibles agrícolas hacia el aumento de la eficacia de la agricultura. Los medios convencionales para mejoras de cultivo y hortícolas utilizan técnicas de siembra selectivas para identificar plantas que tienen características deseables. Sin embargo, dichas técnicas de siembra selectiva tienen diversos inconvenientes, a saber que estas técnicas tienen normalmente mano de obra intensiva y resultan en plantas que contienen frecuentemente 15 componentes genéticos heterogéneos que no siempre pueden resultar en el rasgo deseable que se transmite de plantas progenitoras. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el germoplasma de animales y plantas. La ingeniería genética de las plantas implica el aislamiento y manipulación del material genético (normalmente en la forma de ADN o ARN) y la introducción posterior de ese material genético en una planta. Dicha tecnología tiene la capacidad de suministrar cultivos o plantas que tienen diversos rasgos económicos, agronómicos 20 u hortícolas mejorados.

Un rasgo de interés económico particular es el aumento de la producción. La producción se define normalmente como el producto medible de valor económico de un cultivo. Esto se puede definir en términos de cantidad y/o calidad. La producción depende directamente de diversos factores, por ejemplo, el número y tamaño de los órganos, la arquitectura de la planta (por ejemplo, el número de ramas), producción de semilla, senescencia de hoja y más. El 25 desarrollo de raíz, absorción de nutrientes, tolerancia al estrés y el vigor temprano también pueden ser factores importantes en la determinación de la producción. Por lo tanto optimizar los factores mencionados anteriormente puede contribuir a aumentar la producción del cultivo.

La producción de semilla es un rasgo particularmente importante, debido a que las semillas de muchas plantas son 30 importantes para la nutrición humana y animal. Los cultivos tal como maíz, arroz, trigo, canola y soja representan más de la mitad de la absorción calórica humana total, si a través del consumo directo de las semillas por sí mismas o a través del consumo de productos lácteos aumentan las semillas procesadas. También son una fuente de azúcares, aceites y muchos tipos de metabolitos utilizados en procesos industriales. Las semillas contienen un embrión (la fuente de nuevos brotes y raíces) y un endospermo (la fuente de nutrientes para el crecimiento de embriones durante germinación y durante el crecimiento temprano de las plántulas). El desarrollo de una semilla implica 35 muchos genes, y requiere la transferencia de los metabolitos desde las raíces, hojas y tallos en la semilla que crece. El endospermo, en particular, asimila los precursores metabólicos de los carbohidratos, aceites y proteínas y los sintetiza en macromoléculas de almacenamiento para llenar el grano.

Otro rasgo importante para muchos cultivos es el vigor temprano. Mejorar el vigor temprano es un objetivo 40 importante de programas de siembra de arroz modernos en cultivos de arroz templados y tropicales. Las raíces largas son importantes para el anclaje adecuado al suelo en arroz sembrado en agua. Cuando el arroz se siembra directamente en campos inundados, y cuando las plantas pueden emergir rápidamente a través del agua, se asocian brotes grandes con vigor. Cuando se practica siembra con perforación, los mesocotilos y coleoptilos más 45 grandes son importantes para la buena emergencia de semilla. La capacidad para diseñar el vigor temprano en plantas sería de gran importancia en la agricultura. Por ejemplo, el pobre vigor temprano ha sido una limitación para la introducción de híbridos de maíz (*Zea mays L.*) con base en germoplasma del cinturón de maíz en el Atlántico Europeo.

Un rasgo importante adicional es aquel de tolerancia mejorada al estrés abiótico. El estrés abiótico es la causa 50 principal de pérdidas de cultivo alrededor del mundo, reduciendo las producciones promedio para la mayoría de plantas de cultivo principales en más de 50 % (Wang et al., Plant (2003) 218: 1-14). El estrés abiótico puede ser provocado por sequía, salinidad, temperaturas extremas, toxicidad química y estrés oxidativo. La capacidad de mejorar la tolerancia de la planta al estrés abiótico sería de gran ventaja económica para los granjeros alrededor del mundo y permitiría la cosecha de cultivos durante condiciones adversas y en territorios cuando la cosecha de cultivos no pueda ser posible de otra forma.

Por lo tanto se puede aumentar la producción del cultivo al optimizar uno de los factores mencionados 55 anteriormente.

Dependiendo del uso final, la modificación de ciertos rasgos de producción puede estar favorecida sobre otros. Por ejemplo para aplicaciones tal como forraje o producción de madera, o fuente de bio-combustible, puede ser deseable un aumento en las partes vegetativas de una planta, y para aplicaciones tal como harina, almidón o producción de aceite, puede ser particularmente deseable el aumento en los parámetros de semilla. Incluso entre los parámetros de semilla, algunos pueden estar favorecidos sobre otros, dependiendo de la aplicación. Diversos mecanismos pueden contribuir a aumentar la producción de semilla, ya sea que esté en la forma de tamaño de semilla aumentado o número de semilla aumentado.

Un método para aumentar la producción (la producción de semilla y/o biomasa) en plantas puede ser a través de la modificación de los mecanismos de crecimiento inherentes de una planta, tal como el ciclo celular o diversas rutas de señalización implicados en el crecimiento de la planta o en los mecanismos de defensa.

De forma sorprendente, ahora se ha encontrado que aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína similar a bHLH11 (Hélice-Bucle-Hélice 11 básico), cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media, da plantas que tienen producción de semilla aumentada con relación a plantas de control.

15 De acuerdo con una realización, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas con relación a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica una proteína similar a bHLH11 (Hélice-Bucle-Hélice 11 básico) cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Antecedentes

20 Proteína similar a bHLH11 (Hélice-Bucle-Hélice 11 básica)

Los factores de transcripción se definen usualmente como proteínas que muestran la unión de ADN específica de secuencia y que son capaces de activar y/o reprimir la transcripción. La familia del factor de transcripción Hélice-Bucle-Hélice básica es una de las familias más grandes de los factores de transcripción que se han caracterizado en *Arabidopsis thaliana* (Toledo-Ortiz et al., Plant Cell 15, 1749-1770, 2003; Bailey et al., Plant Cell 15, 2497-2501, 2003) y en arroz (Li et al. Plant Physiol. 141, 1167-1184, 2006). La característica distintiva de la familia del factor de transcripción bHLH es la presencia de un dominio bipartito que consiste de aproximadamente 60 aminoácidos. El dominio bipartito está comprendido de una región básica de unión de ADN, que se une a un cuadro E de hexanucleótido consensus y dos hélices α separadas por una región de bucle variable, el terminal C ubicado del dominio básico. Las dos hélices α promueven la dimerización, que permite la formación de homo- y heterodímeros entre diferentes miembros de la familia. Aunque el dominio bHLH se conserva evolutivamente, existe poca similitud de secuencia entre subtipos más allá del dominio. Li et al. (2006) clasificó los factores de transcripción de *Arabidopsis* bHLH y arroz en 22 subfamilias, con base en la secuencia de los dominios bHLH.

35 Se conoce poco a cerca de la función de los polipéptidos similares a bHLH11 en plantas. Hasta ahora, solo se ha caracterizado un polipéptido similar a bHLH11, OsPTF1 de arroz. Se reporta que el OsPTF1 está implicado en la tolerancia a la privación de fosfato (Yi et al., Plant Physiol. 138, 2087-2096). Las plantas de arroz que sobreexpresan este gen bajo el control del promotor 35S no muestran ningún fenotipo diferente comparado con plantas de control cuando crecen bajo condiciones normales, pero bajo condiciones de limitación de fosfato, las plantas tienen una absorción mejorada de fosfato. Bajo limitación de fosfato, las plantas transgénicas muestran un aumento en la biomasa, contenido de fosfato, ahijamiento aumentado y producción de semilla aumentada.

40 De manera sorprendente, ahora se ha encontrado que aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media da plantas que tienen producción de semilla aumentada con relación a plantas de control. Estos efectos se muestran bajo condiciones de crecimiento en donde el fosfato no se limita.

45 De acuerdo con una realización, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas con relación a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Definiciones

Polipéptido(s)/Proteína(s)

50 Los términos "polipéptido" y "proteína" se utilizan intercambiablemente aquí y se refieren a aminoácidos en una forma polimérica de cualquier longitud, ligados por enlaces de péptido.

Polinucleótido(s)/Ácido nucleico(s)/Secuencia de ácidos nucleicos(s)/secuencia de nucleótidos(s)

Los términos "polinucleótido(s)", "secuencia de ácidos nucleicos(s)", "secuencia de nucleótidos(s)", "ácido nucleico(s)", "molécula de ácido nucleico" se utilizan intercambiablemente aquí y se refieren a nucleótidos, ya sean ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos o una combinación de ambos, en una forma polimérica no ramificada de cualquier longitud.

5 Plantas de control

La elección de plantas de control adecuadas es una parte de rutina de un montaje experimental y puede incluir las plantas tipo natural correspondientes o plantas correspondientes sin el gen de interés. La planta de control es normalmente de la misma especie de planta o incluso de la misma variedad que la planta que se va a evaluar. La planta de control también puede ser un nulizigoto de la planta que se va a evaluar. Los nulizigotos son individuos que perdieron el transgen mediante segregación. Una "planta de control" como se utiliza aquí no solo se refiere a plantas completas, sino también a partes de planta, que incluye semillas y partes de semilla.

Homólogos

"Homólogos" de una proteína abarca péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, eliminaciones y/o inserciones de aminoácidos con relación a la proteína no modificada en cuestión y tienen actividad funcional y biológica similar como la proteína no modificada de la cual se derivan.

Una eliminación se refiere al retiro de uno o más aminoácidos de una proteína.

Una inserción se refiere a uno o más residuos de aminoácido que se introducen en un sitio predeterminado en una proteína. Las inserciones pueden comprender fusiones de terminal N y/o terminal C así como también las inserciones intra-secuencia de un aminoácido único o múltiples aminoácidos. De manera general, las inserciones dentro de la secuencia de aminoácidos serán más pequeñas que las fusiones de terminal N o C, del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos. Ejemplos de las proteínas de fusión de terminal N o C o péptidos incluyen el dominio de unión o dominio de activación de un activador transcripcional como se utiliza en el sistema de dos híbridos de levadura, proteínas de cubierta de fago, etiqueta de (histidina) - 6, etiqueta de glutationa S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, reductasa dihidrofolato, epítopo Tag•100, epítopo cmyc, epítopo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítopo HA, epítopo de proteína C y epítopo VSV.

Una sustitución se refiere a un reemplazo de aminoácidos de la proteína con otros aminoácidos que tienen propiedades similares (tal como hidrofobicidad similar, hidrofilicidad, antigenicidad, propensión para formar o romper estructuras helicoidales α o estructuras de lámina β). Las sustituciones de aminoácido son normalmente de residuos únicos, pero se pueden agrupar dependiendo de las restricciones funcionales puestas al polipéptido; las inserciones serán usualmente del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos de aminoácido. Las sustituciones de aminoácido son preferiblemente sustituciones de aminoácido conservadoras. Las tablas de sustitución conservadoras se conocen bien en la técnica (ver por ejemplo Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman and Company (Eds) y Tabla 1 adelante).

Tabla 1: Ejemplos de sustituciones de aminoácido conservadoras

Residuo	Sustituciones Conservadoras	Residuo	Sustituciones Conservadoras
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr

(continuación)

Residuo	Sustituciones Conservadoras	Residuo	Sustituciones Conservadoras
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu, Val		

Las sustituciones, eliminaciones y/o inserciones de aminoácido se pueden hacer fácilmente utilizando técnicas sintéticas de péptidos bien conocidas en la técnica, tal como síntesis de péptidos de fase sólida y similares, o mediante manipulación de ADN recombinante. Se conocen bien en la técnica los métodos para la manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o eliminación de una proteína. Por ejemplo, las técnicas para elaborar mutaciones de sustitución en sitios predeterminados en ADN son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica e incluyen mutagenia M13, mutagenia in vitro T7-Gen (USB, Cleveland, OH), Mutagenia Dirigida a Sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagenia dirigida a sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagenia dirigida a sitio.

Derivados

"Derivados" incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que se pueden, comparar con la secuencia de aminoácidos de la forma que ocurre en forma natural de la proteína, tal como la proteína de interés, comprenden sustituciones de aminoácidos con residuos de aminoácido que no ocurren en forma natural, o las adiciones de los residuos de aminoácido que no ocurren en forma natural. "Derivados" de una proteína también abarca péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que comprenden residuos de aminoácido alterados que ocurren en forma natural (glucosilado, acilado, prenilado, fosforilado, miristoilado, sulfatado etc.) o alterados de ocurrencia en forma no natural comparado con la secuencia de aminoácidos de una forma que ocurre en forma natural del polipéptido. También un derivado puede comprender uno o más sustituyentes o adiciones no aminoácido comparado con la secuencia de aminoácidos de la que se deriva, por ejemplo una molécula indicadora u otro ligando, unido covalentemente o no covalentemente a la secuencia de aminoácidos, tal como una molécula indicadora que se une para facilitar su detección, y residuos de aminoácido que ocurren en forma no natural con relación a la secuencia de aminoácidos de una proteína que ocurre en forma natural. Adicionalmente, "derivados" también incluye fusiones de la forma que ocurre de manera natural de la proteína con péptidos de etiquetado tal como FLAG, HIS6 o tioredoxina (para una revisión de péptidos de etiquetado, ver Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

Ortólogo(s)/Parálogo(s)

Los ortólogos y parálogos abarcan conceptos evolutivos utilizados para describir las relaciones antecesoras de los genes. Los parálogos son genes dentro de la misma especie que se han originado a través de la duplicación de un gen antecesor; los ortólogos son genes de diferentes organismos que se han originado a través de la especialización, y también se derivan de un gen antecesor común.

Dominio

El término "dominio" se refiere a un conjunto de aminoácidos conservados en posiciones específicas a lo largo de una alineación de secuencias de las proteínas evolutivamente relacionadas. Aunque los aminoácidos en otras posiciones pueden variar entre los homólogos, los aminoácidos que son altamente conservados en posiciones específicas que indican que los aminoácidos que son probablemente esenciales en la estructura, estabilidad o función de una proteína. Identificado por su alto grado de conservación en las secuencias alineadas de una familia de homólogos de proteína, estas se pueden utilizar como identificadores para determinar si cualquier polipéptido en cuestión pertenece a una familia de polipéptido previamente identificada.

Motivo/Secuencia consensus/Característica

El término "motivo" o "secuencia consensus" o "característica" se refiere a una región conservada corta en la secuencia de las proteínas evolutivamente relacionadas. Los motivos son partes frecuentemente altamente conservadas de dominios, pero también pueden incluir solo parte del dominio, o se ubican por fuera del dominio conservado (si todos los aminoácidos del motivo caen por fuera de un dominio definido).

Hibridación

El término "hibridación" como se define aquí es un proceso en donde la secuencia de nucleótidos complementaria sustancialmente homóloga hibrida entre sí. El proceso de hibridación puede ocurrir completamente en la solución, es decir ambos ácido nucleicos complementarios están en la solución. El proceso de hibridación también puede ocurrir con uno de los ácido nucleicos complementarios inmovilizados en una matriz tal como microesferas magnéticas, microesferas de Sefarosa o cualquier otra resina. El proceso de hibridación adicionalmente puede ocurrir con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados en un soporte sólido tal como una nitrocelulosa o membrana de nylon o se inmoviliza mediante por ejemplo fotolitografía a, por ejemplo, un soporte vitro silíceo (el último conocido como disposiciones o microdisposiciones de ácido nucleico como chips de ácido nucleico). Con el fin de permitir que ocurra hibridación, las moléculas de ácido nucleico de manera general son térmicamente o químicamente desnaturalizadas para fundir una hebra doble en dos hebras únicas y/o para retirar horquillas u otras estructuras secundarias de ácidos nucleicos de hebra sencilla.

El término "exigencia" se refiere a las condiciones bajo las cuales tiene lugar la hibridación. La exigencia de hibridación está influenciada por condiciones tal como temperatura, concentración de sal, resistencia iónica y compuesto reguladora de hibridación. De manera general, se seleccionan condiciones de baja exigencia por ser aproximadamente 30° C menores que el punto de fusión térmico (T_m) para la secuencia específica en una resistencia iónica definida y pH. Las condiciones de exigencia medias son cuando la temperatura es 20° C por debajo de T_m , y las altas condiciones de exigencia cuando son la temperatura es 10° C por debajo de T_m . Las condiciones de hibridación de alta exigencia se utilizan normalmente para aislar las secuencias hibridadas que tienen alta similitud de secuencia para dirigir la secuencia de ácidos nucleicos. Sin embargo, los ácidos nucleicos se pueden desviar en secuencia y aún codifican un polipéptido sustancialmente idéntico, debido a la degeneración del código genético. Por lo tanto algunas veces se pueden necesitar condiciones de hibridación de alta exigencia para identificar dicha molécula de ácidos nucleicos.

El T_m es la temperatura bajo fuerza iónica definida y pH, en el que 50 % de la secuencia objetivo hibrida a una sonda perfectamente emparejada. El T_m es dependiente de las condiciones de solución y la compuesto base y la longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias más largas hibridan específicamente a temperaturas mayores. El índice máximo de hibridación se obtiene de aproximadamente 16° C hasta 32° C por debajo de T_m . La presencia de cationes monovalentes en la solución de hibridación reduce la repulsión electrostática entre las dos hebras de ácido nucleico que promueven por lo tanto la formación del híbrido; este efecto es visible para concentraciones de sodio de hasta 0.4M (para concentraciones mayores, se puede ignorar este efecto). La formamida reduce la temperatura de fusión de dúplex ADN-ADN y ADN-ARN con 0.6 a 0.7° C para cada porcentaje de formamida, y la adición de 50 % de formamida permite que se realice hibridación de 30 a 45° C, aunque se disminuirá el índice de hibridación. Los emparejamientos incorrectos de los pares base reducen el índice de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. En promedio y para sondas grandes, el T_m reduce aproximadamente 1 °C por % de emparejamiento incorrecto base. El T_m se puede calcular utilizando las siguientes ecuaciones, dependiendo de los tipos de híbridos:

1) híbridos de ADN-ADN (Meinkoth and Wahl, Anal. Biochem., 138: 267-284, 1984):

$$T_m = 81.5^\circ\text{C} + 16.6 \times \log_{10}[\text{Na}^+]^a + 0.41 \times \%[\text{G/C}]^b - 500 \times [L]^{-1} - 0.61 \times \% \text{ de formamida}$$

2) Híbridos de ADN-ARN o ARN-ARN:

$$T_m = 79.8 + 18.5 (\log_{10}[\text{Na}^+]^a) + 0.58 (\%[\text{G/C}]^b) + 11.8 (\%[\text{G/C}]^b)^2 - 820/L^c$$

3) Híbridos de oligo-ADN u oligo-ARN^d:

Para <20 nucleótidos: $T_m = 2 (I_n)$

Para 20-35 nucleótidos: $T_m = 22 + 1.46 (I_n)$

^a o para otro catión monovalente, pero solo exacto en el rango 0.01-0.4 M.

^b solo exacto para %GC en el rango de 30 % a 75 %.

^c L = longitud de dúplex en pares base.

^d oligo, oligonucleótido; I_n = Longitud efectiva del cebador = $2x (\text{no. de G/C}) + (\text{no. de A/T})$.

5 Se puede controlar la unión no específica utilizando uno cualquiera de un número de técnicas conocidas tal como, por ejemplo, bloqueo de la membrana con soluciones que contienen la proteína, adiciones del ARN heterólogo, ADN, y SDS para el regulador de hibridación, y tratamiento con Rnasa. Para sondas no homólogas, se puede realizar una serie de hibridaciones al variar uno de (i) disminuir progresivamente la temperatura de hibridación (por ejemplo de 68° C a 42° C) o (ii) disminuir progresivamente la concentración de formamida (por ejemplo de 50 % a 0 %). El artesano experto está consciente de diversos parámetros que se pueden alterar durante hibridación y que mantendrán o cambiarán las condiciones de exigencia.

10 A pesar de las condiciones de hibridación, la especificidad de hibridación también depende normalmente de la función de lavados de post-hibridación. Para retirar el fondo que resulta de hibridación no específica, las muestras se lavan con soluciones de sal diluidas. Los factores críticos de dichos lavados incluyen fuerza iónica y temperatura de la solución de lavado final: la menor concentración de sal y la mayor temperatura de lavado, la mayor exigencia del lavado. Las condiciones de lavado se realizan normalmente en o por debajo de la exigencia de hibridación. Una hibridación positiva da una señal que es por lo menos dos veces aquella de fondo. De manera general, las 15 condiciones exigentes adecuadas para los ensayos de hibridación de ácido nucleico o los procedimientos de detección de amplificación de gen son como se establecieron anteriormente. También se pueden seleccionar más o menos condiciones exigentes. El experto está consciente de diversos parámetros que se pueden alterar durante el lavado y que mantendrán o cambiarán las condiciones de exigencia.

20 Por ejemplo, las condiciones de hibridación de alta exigencia típicas para híbridos de ADN mayores de 50 nucleótidos abarcan hibridación a 65° C en 1x SSC o a 42° C en 1x SSC y 50 % de formamida, seguido por lavado a 65° C en 0.3x SSC. Ejemplos de condiciones de hibridación de exigencia media para los híbridos de ADN mayores de 50 nucleótidos abarca hibridación a 50° C en 4x SSC o a 40° C en 6x SSC y 50 % de formamida, seguido por lavado a 50° C en 2x SSC. La longitud del híbrido es la longitud anticipada del ácido nucleico hibridado. Cuando los 25 ácido nucleicos de la secuencia conocida se hibridan, se puede determinar la longitud del híbrido al alinear las secuencias e identificar las regiones conservadas descritas aquí. 1XSSC es 0.15M NaCl y 15mM citrato de sodio; la solución de hibridación y las soluciones de lavado pueden incluir adicionalmente reactivo de Denhardt 5x, 0.5-1.0 % de SDS, 100 mg/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado, denaturalizado, 0.5 % de pirofosfato de sodio.

30 Para los propósitos de definir el nivel de exigencia, se puede hacer referencia a Sambrook et al. (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3rd Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York o a Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989 y actualizaciones anuales).

30 Variante de empalme

35 El término "variante de empalme" como se utiliza aquí abarca variantes de una secuencia de ácidos nucleicos en la que los intrones y/o exones seleccionados se han extirpado, reemplazado, desplazado o agregado, o en la que los intrones se han acortado o alargado. Dichas variantes serán unas en las que la actividad biológica de la proteína se retiene sustancialmente; esto se puede lograr al retener selectivamente los segmentos funcionales de la proteína. Dichas variantes de división se pueden encontrar en la naturaleza o pueden ser hechas por el hombre. Los métodos para predecir e aislar dichas variantes de división se conocen bien en la técnica (ver por ejemplo Foissac and Schiex (2005) BMC Bioinformatics 6: 25).

Variante alélica

40 Los alelos o variantes alélicas son formas alternativas de un gen dado, ubicados en la misma posición cromosómica. Las variantes alélicas abarcan Polimorfismos de Nucleótido Únicos (SNP), así como también Polimorfismos de Inserción/Eliminación pequeños (INDEL). El tamaño de INDEL es usualmente menor de 100 bp. Los SNP e INDEL forman el conjunto más largo de variantes de secuencia en las cepas polimórficas que ocurren en forma natural.

Mezcla de genes/Evolución dirigida

45 La mezcla de genes o evolución dirigida consiste de iteraciones de Mezcla de ADN seguido por detección y/o selección apropiada para generar variantes de ácidos nucleicos o porciones de las mismas que codifican las proteínas que tienen una actividad biológica modificada (Castle et al., (2004) Science 304(5674): 1151-4; patentes Estadounidenses 5,811,238 y 6,395,547).

Elemento regulador/Secuencia de control/Promotor

50 Los términos "elemento regulador", "secuencia de control" y "promotor" todos se utilizan intercambiablemente aquí y se toman en un contexto amplio para referirse a una secuencia de ácidos nucleicos reguladora capaz de efectuar la expresión de las secuencias a las que se ligan. El término "promotor" normalmente se refiere a una secuencia de control de ácidos nucleicos ubicadas en la dirección 5' del inicio transcripcional de un gen y que está implicado en el reconocimiento y unión de la polimerasa de ARN y otras proteínas, dirigiendo por lo tanto la transcripción de un

- ácido nucleico ligado operablemente. Abarcado por los términos mencionados anteriormente están las secuencias reguladoras transcripcional derivadas de un gen genómico eucariótico clásico (que incluye el cuadro TATA que se requiere para inicio de transcripción exacta, con o sin una secuencia de cuadro CCAAT) y reguladores de elemento adicional (es decir secuencias activadas en la dirección 5', mejoradores e inactivadores) que alteran la expresión de gen en respuesta al desarrollo y/o estímulo externo, o en una forma específica de tejido. También se incluye dentro del término una secuencia reguladora transcripcional de un gen procariótico clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de cuadro -35 y/o secuencias reguladoras transcripcionales de cuadro -10. El término "elemento regulador" también abarca una molécula de fusión sintética o derivado que confiere, activa o mejora la expresión de una molécula de ácido nucleico en una célula, tejido u órgano.
- 5
- 10 Un "promotor de planta" comprende elementos reguladores, que median la expresión de un segmento de secuencia codificante en las células de plantas. De acuerdo con lo anterior, un promotor de planta no necesita ser de origen de planta, pero se puede originar de virus o micro-organismos, por ejemplo de virus que atacan las células de planta. El "promotor de planta" también se puede originar de una célula de planta, por ejemplo de la planta que se transforma con la secuencia de ácidos nucleicos que se va a expresar en el proceso de la invención y se describe aquí. Esto 15 también aplica a las otras señales reguladoras de "planta", tal como terminadores de "planta". Los promotores en la dirección 5' de la secuencia de nucleótidos útiles en los métodos de la presente invención se pueden modificar mediante una o más sustitución(s), inserción(s) y/o eliminación(s) de nucleótido sin interferir con la funcionalidad o actividad de cualquiera de los promotores, el marco de lectura abierto (ORF) o la región reguladora 3' tal como terminadores u otras regiones reguladoras 3' que se ubican lejos del ORF. Adicionalmente es posible que la 20 actividad de los promotores se aumente mediante la modificación de su secuencia, o que se reemplacen completamente por promotores más activos, incluso promotores de organismos heterólogos. Para la expresión en plantas, la molécula de ácido nucleico, como se describió anteriormente, se puede unir operablemente a o comprender un promotor adecuado que expresa el gen al punto derecho en el tiempo y con el patrón de expresión espacial requerida.
- 25 Para la identificación de los promotores funcionalmente equivalentes, la resistencia del promotor y/o el patrón de expresión de un promotor candidato se pueden analizar por ejemplo al unir operablemente el promotor a un gen indicador y evaluar el nivel de expresión y patrón del gen indicador en diversos tejidos de la planta. Los genes indicadores bien conocidos adecuados incluyen por ejemplo beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La actividad del promotor se evalúa al medir la actividad enzimática de la beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La resistencia 30 del promotor y/o el patrón de expresión luego se pueden comparar con aquel de un promotor de referencia (tal como el utilizado en los métodos de la presente invención). Alternativamente, se puede evaluar la resistencia del promotor al cuantificar los niveles de mARN o al comparar los niveles de mARN del ácido nucleico utilizado en los métodos de la presente invención, con niveles de mARN de los genes domésticos tal como 18S rARN, utilizando los métodos conocidos en la técnica, tal como Northern blot con análisis dermatográfico de autoradiogramas, PCR o RT-PCR 35 cuantitativo en tiempo real (Heid et al., 1996 Genome Methods 6: 986-994). De manera general "promotor débil" está destinado a un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificante a un nivel bajo. "Nivel bajo" está destinado a niveles de aproximadamente 1/10,000 transcriptos a aproximadamente 1/100,000 transcriptos, a aproximadamente 1/500,000 transcriptos por célula. Por el contrario, un "promotor fuerte" dirige la expresión de una secuencia codificante de alto nivel, o aproximadamente 1/10 transcriptos a aproximadamente 1/100 transcriptos a 40 aproximadamente 1/1000 transcriptos por célula. De manera general, "promotor de resistencia media" está destinado a un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificante a un nivel menor que un promotor fuerte, en particular a un nivel que está en todos los casos por debajo de aquel obtenido cuando está bajo el control de un promotor 35S CaMV.

Ligado operablemente

- 45 El término "ligado operablemente" como se utiliza aquí se refiere a un enlace funcional entre la secuencia promotora y el gen de interés, de tal manera que la secuencia promotora es capaz de iniciar la transcripción del gen de interés.

Promotor constitutivo

- Un "promotor constitutivo" se refiere a un promotor que es transcripcionalmente activo durante la mayor parte, pero no necesariamente todas, las fases de crecimiento y desarrollo y bajo condiciones más ambientales, en por lo 50 menos una célula, tejido un órgano. La Tabla 2a adelante da ejemplos de los promotores constitutivos.

Tabla 2a: Ejemplos de promotores constitutivos

Fuente de Gen	Referencia
Actina	McElroy et al, Plant Cell, 2: 163-171, 1990
HMGP	WO 2004/070039
CAMV 35S	Odell et al, Nature, 313: 810-812, 1985
CaMV 19S	Nilsson et al., Physiol. Plant. 100:456-462, 1997
GOS2	de Pater et al, Plant J Nov;2(6):837-44, 1992, WO 2004/065596
Ubiquitina	Christensen et al, Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992
Ciclofilina de arroz	Buchholz et al, Plant Mol Biol. 25(5): 837-43, 1994
Histona H3 de maíz	Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231:276-285, 1992
Histona H3 de alfalfa	Wu et al. Plant Mol. Biol. 11:641-649, 1988
Actina 2	An et al, Plant J. 10(1); 107-121, 1996
34S FMV	Sanger et al., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443
Subunidad pequeña Rubisco	US 4,962,028
ocs	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain et al., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
SAD2	Jain et al., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
nos	Shaw et al. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20):7831-7846
V-ATPasa	WO 01/14572
Súper promotor	WO 95/14098
Proteínas de cuadro G	WO 94/12015

Promotor ubicuo

Un promotor ubicuo es activo en sustancialmente todos los tejidos o células de un organismo.

Promotor regulado en forma desarrollada

- 5 Un promotor regulado en forma desarrollada es activo durante ciertas etapas de desarrollo o en partes de la planta que experimentan cambios de desarrollo.

Promotor inducible

- 10 Un promotor inducible ha inducido o aumentado el inicio de la transcripción en respuesta a un químico (para revisión ver Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108), estímulos físicos o ambientales, o puede ser "inducible por estrés", es decir activado cuando una planta se expone a diversas condiciones de estrés, o un "patógeno inducible" es decir activado cuando una planta está expuesta a la exposición a diversos patógenos.

Promotor Específico de órgano/Específico de tejido

Un promotor específico de órgano o específico de tejido es uno que es capaz de iniciar preferiblemente la transcripción en ciertos órganos o tejidos, tal como las hojas, raíces, tejido de semilla etc. Por ejemplo, un "promotor específico de raíz" es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en raíces de planta, sustancialmente para la exclusión de cualesquiera otras partes de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión en estas otras partes de la planta. Los promotores capaces de iniciar la transcripción en ciertas células solo se denominan aquí como "específicos de célula".

Ejemplos de promotores específicos de raíz se enumeran en la Tabla 2b adelante:

Tabla 2b: Ejemplos de promotores específicos de raíz

Fuente de gen	Referencia
RCc3	Plant Mol Biol. 1995 Jan;27(2):237-48
Arabidopsis PHT1	Kovama et al., 2005; Mudge et al. (2002, Plant J. 31:341)
Transportador de fosfato Medicago	Xiao et al., 2006
Arabidopsis Pyk10	Nitz et al. (2001) Plant Sci 161(2): 337-346
Genes expresables de raíz	Tingey et al., EMBO J. 6: 1, 1987.
Gen inducible de auxina de tabaco	Van der Zaal et al., Plant Mol. Biol. 16, 983, 1991.
β-tubulina	Oppenheimer, et al., Gene 63: 87, 1988.
Genes específicos de raíz de tabaco	Conkling, et al., Plant Physiol. 93: 1203, 1990.
Gen B. napus G1-3b	Patente Estadounidense No. 5, 401, 836
SbPRP1	Suzuki et al., Plant Mol. Biol. 21: 109-119, 1993.
LRX1	Baumberger et al. 2001, Genes & Dev. 15:1128
BTG-26 Brassica napus	US 20050044585
LeAMT1 (tomate)	Lauter et al. (1996, PNAS 3:8139)
El LeNRT1-1 (tomate)	Lauter et al. (1996, PNAS 3:8139)
Gen patatin clase I (papa)	Liu et al., Plant Mol. Biol. 153:386-395, 1991.
KDC1 (Daucus carota)	Downey et al. (2000, J. Biol. Chem. 275:39420)
Gen TobRB7	W Song (1997) PhD Thesis, North Carolina State University, Raleigh, NC USA
OsRAB5a (arroz)	Wang et al. 2002, Plant Sci. 163:273
ALF5 (Arabidopsis)	Diener et al. (2001, Plant Cell 13:1625)
NRT2;1 Np (N. plumbaginifolia)	Quesada et al. (1997, Plant Mol. Biol. 34:265)

Un promotor específico de semilla es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido de semilla, pero no necesariamente exclusivamente en tejido de semilla (en los casos de expresión de escape). El promotor específico de semilla puede ser activo durante el desarrollo de la semilla y/o durante la germinación. El promotor específico de semilla puede ser específico de endospermo/aleurona/embrión. Ejemplos del promotor específico de semilla (específico de endospermo/aleurona/embrión) se muestran en la Tabla 2d, 2e, 2f. Ejemplos adicionales de promotores específicos de semilla se dan en Qing Qu y Takaiwa (Plant Biotechnol. J. 2, 113-125, 2004), cuya descripción se incorpora aquí mediante referencia como si se estableciera completamente.

Tabla 2c: Ejemplos de promotores específicos de semilla

Fuente de gen	Referencia
Genes específicos de semilla	Simon et al., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985;
	Scofield et al., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987.;
	Baszczynski et al., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990.
Albúmina de Nuez del Brasil	Pearson et al., Plant Mol. Biol. 18: 235-245, 1992.
Leguminosas	Ellis et al., Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988.
Glutelina (arroz)	Takaiwa et al., Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986;
	Takaiwa et al., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987.
zeína	Matzke et al Plant Mol Biol, 14(3):323-32 1990
napA	Stalberg et al, Planta 199: 515-519, 1996.
LMW de trigo y glutenina-1 HMW	Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17:461-2, 1989
SPA de trigo	Albani et al, Plant Cell, 9: 171-184, 1997
α, β, γ-gliadinas de trigo	EMBO J. 3:1409-15, 1984
Promotor ltr1 de cebada	Diaz et al. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
B1 de cebada, C, D, hordeína	Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4:343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750-60, 1996
DOF de cebada	Mena et al, The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998
blz2	EP99106056.7
Promotor sintético	Vicente-Carabajosa et al., Plant J. 13: 629-640, 1998.
prolамина NRP33 de arroz	Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
α-globulina Glb-1 de arroz	Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
OSH1 de arroz	Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
α-globulina REB/OHP-1 de arroz	Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513-522, 1997
pirofosforilasa ADP-glucosa de arroz	Trans Res 6:157-68, 1997

ES 2 403 281 T3

(continuación)

Fuente de gen	Referencia
Familia del gen ESR de maíz	Plant J 12:235-46, 1997
α-kafirina de sorgo	DeRose et al., Plant Mol. Biol 32:1029-35, 1996
KNOX	Postma-Haarsma et al, Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999
Oleosina de arroz	Wu et al, J. Biochem. 123:386, 1998
oleosina de girasol	Cummins et al., Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992
PRO0117, proteína ribosómica 40S de arroz putativo	WO 2004/070039
PRO0136, aminotransferasa de alanina de arroz	no publicado
PRO0147, inhibidor de tripsina ITR1 (cebada)	no publicado
PRO0151, WSI18 de arroz	WO 2004/070039
PRO0175, RAB21 de arroz	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039
α-amilasa (Amy32b)	Lanahan et al, Plant Cell 4:203-211, 1992; Skriver et al, Proc Natl Acad Sci USA 88:7266-7270, 1991
Gen similar a catepsina β	Cejudo et al, Plant Mol Biol 20:849-856, 1992
Ltp2 de cebada	Kalla et al., Plant J. 6:849-60, 1994
Chi26	Leah et al., Plant J. 4:579-89, 1994
B-Peru de maíz	Selinger et al., Genetics 149:1125-38,1998

Tabla 2d: Ejemplos de promotores específicos de endospermo

Fuente de gen	Referencia
glutelina (arroz)	Takaiwa et al. (1986) Mol Gen Genet 208:15-22; Takaiwa et al. (1987) FEBS Letts. 221:43-47
zeína	Matzke et al., (1990) Plant Mol Biol 14(3): 323-32
LMW de trigo y glutelina-1 HMW	Colot et al. (1989) Mol Gen Genet 216:81-90, Anderson et al. (1989) NAR 17:461-2
SPA de trigo	Albani et al. (1997) Plant Cell 9:171-184

(continuación)

Fuente de gen	Referencia
Gliadinas de trigo	Rafalski et al. (1984) EMBO 3:1409-15
promotor ltr1 de cebada	Diaz et al. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
B1 de cebada, C, D, hordeína	Cho et al. (1999) Theor Appl Genet 98:1253-62; Muller et al. (1993) Plant J 4:343-55; Sorenson et al. (1996) Mol Gen Genet 250:750-60
DOF de cebada	Mena et al, (1998) Plant J 116(1): 53-62
blz2	Onate et al. (1999) J Biol Chem 274(14):9175-82
Promotor sintético	Vicente-Carabajosa et al. (1998) Plant J 13:629-640
Prolamina NRP33 de arroz	Wu et al, (1998) Plant Cell Physiol 39(8) 885-889
globulina Glb-1 de arroz	Wu et al. (1998) Plant Cell Physiol 39(8) 885-889
globulina REB/OHP-1 de arroz	Nakase et al. (1997) Plant Molec Biol 33: 513-522
pirofosforilasa ADP-glucosa de arroz	Russell et al. (1997) Trans Res 6:157-68
Familia del gen ESR de maíz	Opsahl-Ferstad et al. (1997) Plant J 12:235-46
Kafirina de sorgo	DeRose et al. (1996) Plant Mol Biol 32:1029-35

Tabla 2e: Ejemplos de promotores específicos de embrión:

Fuente de gen	Referencia
OSH1 de arroz	Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
KNOX	Postma-Haarsma et al, Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999
PRO0151	WO 2004/070039
PRO0175	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039

5 Tabla 2f: Ejemplos de promotores específicos de aleurona:

Fuente de gen	Referencia
α-amilasa (Amy32b)	Lanahan et al, Plant Cell 4:203-211, 1992; Skriver et al, Proc Natl Acad Sci USA 88: 7266-7270, 1991
Gen similar a catepsina β	Cejudo et al, Plant Mol Biol 20:849-856, 1992
Ltp2 de cebada	Kalla et al., Plant J. 6:849-60, 1994
Chi26	Leah et al., Plant J. 4:579-89, 1994
Maíz B-Perú	Selinger et al., Genetics 149:1125-38,1998

Un promotor específico de tejido verde como se define aquí es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido verde, sustancialmente con la exclusión de cualesquier otras partes de una planta, mientras aún permite cualquier expresión de escape de estas otras partes de planta.

- 5 Ejemplos de promotores específicos de tejido verde que se pueden utilizar para desarrollar los métodos de la invención se muestran en la Tabla 2g.

Tabla 2g: Ejemplos de promotores específicos de tejido verde

Gen	Expresión	Referencia
Diquinasa de ortofosfato de maíz	Específico de hoja	Fukavama et al., 2001
Carboxilasa de fosfoenolpiruvato de maíz	Específico de hoja	Kausch et al., 2001
Carboxilasa de fosfoenolpiruvato de arroz	Específico de hoja	Liu et al., 2003
Subunidad pequeña de arroz Rubisco	Específico de hoja	Nomura et al., 2000
beta expansina EXBP9 de arroz	Específico de brote	WO 2004/070039
Subunidad pequeña de Gandul Rubisco	Específico de hoja	Panguluri et al., 2005
RBCS3A de guisante	Específico de hoja	

- 10 Otro ejemplo de un promotor específico de tejido es un promotor específico de meristema, que es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido meristemático, sustancialmente con la exclusión de cualesquier otras partes de una planta, mientras aún permite cualquier expresión de escape en estas otras partes de planta. Ejemplos de promotores específicos de meristema verdes que se pueden utilizar para realizar los métodos de la invención se muestran en la Tabla 2h adelante.

Tabla 2h: Ejemplos de promotores específicos de meristema

Fuente de gen	Patrón de expresión	Referencia
OSH1 de arroz	Meristema ápico de brote, de etapa globular de embrión a la etapa de plántula	Sato et al. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122
Metalotioneina de arroz	Específico de meristema	BAD87835.1
WAK1 & WAK 2	Meristemas de brote y ápicos de raíz, y hojas y sépalos expandidos	Wagner & Kohom (2001) Plant Cell 13(2): 303-318

Terminador

- 5 El término "terminador" abarca es una secuencia de control que es una secuencia de ADN al final de la unidad transcripcional en la que el procesamiento y poliadenilación de las señales 3' de un transcripto primario y terminación de transcripción. El terminador se puede derivar del gen natural, de una variedad de otros genes de planta, o de T-ADN. El terminador que se puede agregar se puede derivar de, por ejemplo, los genes de sintasa nopalina o sintasa octopina, o alternativamente de otro gen de planta, o menos preferiblemente de cualquier otro gen eucariótico.

Modulación

- 10 10 El término "modulación" significa en relación a la expresión o expresión de gen, un proceso en el que el nivel de expresión se cambia mediante dicho gen de expresión en comparación con la planta de control, el nivel de expresión se puede aumentar o reducir. La expresión no modulada, original puede ser de cualquier tipo de expresión de un ARN estructural (rARN, tARN) o mARN con traducción posterior. El término "modular la actividad" permitiría cualquier cambio de la expresión de las secuencias de ácidos nucleicos de la invención o las proteínas codificadas, 15 que conduce a la producción aumentada y/o crecimiento aumentado de las plantas.

Expresión

- 20 20 El término "expresión" o "expresión de gen" significa la transcripción de un gen específico o genes específicos o construcción genética específica. El término "expresión" o "expresión de gen" en particular significa la transcripción de un gen o genes o construcción genética en ARN estructural (rARN, tARN) o mARN con o sin traducción posterior del último en una proteína. El proceso incluye transcripción de ADN y procesamiento del producto resultante de mARN.

Expresión aumentada/sobreexpresión

- El término "expresión aumentada" o "sobreexpresión" como se utiliza aquí significa cualquier forma de expresión que es adicional al nivel de expresión tipo natural original.
- 25 25 Los métodos para aumentar la expresión de los genes o productos de gen se documentan bien en la técnica e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión conducida mediante promotores apropiados, el uso de mejoradores de transcripción o mejoradores de traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como promotor o elementos mejoradores se pueden introducir en una posición apropiada (normalmente en la dirección 5') de una forma no heteróloga de un polinucleótido con el fin de regular por aumento la expresión de un ácido nucleico que codifica el polipéptido de interés. Por ejemplo, se pueden alterar los promotores endógenos *in vivo* mediante mutación, 30 eliminación, y/o sustitución (ver, Kmiec, US 5,565,350; Zarling et al., WO9322443), o se pueden introducir promotores aislados dentro de una célula de planta en la orientación y distancia apropiada de un gen de la presente invención con el fin de controlar la expresión del gen.

- 35 35 Si se desea la expresión del polipéptido, es de manera general deseable incluir una región de poliadenilación en el extremo 3 de una secuencia codificante de polinucleótido. La región de poliadenilación se puede derivar del gen natural, de una variedad de otros genes de planta, o de T-ADN. La secuencia de extremo 3' que se va a agregar se puede derivar de, por ejemplo, los genes de sintasa nopalina o sintasa octopina, o alternativamente de otro gen de planta, o menos preferiblemente de cualquier otro gen eucariótico.

- 40 40 También se puede agregar una secuencia de intrón a la región no traducida 5' (UTR) o la secuencia codificante de la secuencia codificante parcial para aumentar la cantidad de mensaje maduro que se acumula en el citosol. La inclusión de un intrón de empalme en la unidad de transcripción en las construcciones de expresión de planta y

animal se ha mostrado que aumenta la expresión del gen a los niveles de mARN y proteína hasta 1000 veces (Buchman and Berg (1988) Mol. Cell biol. 8: 4395-4405; Callis et al. (1987) Genes Dev 1:1183-1200). Dicho mejoramiento de intrón de la expresión de gen es normalmente mayor cuando se pone cerca al extremo 5' de la unidad de transcripción. El uso de los intrones de maíz el intrón Adh1-S 1, 2, y 6, el intrón Bronze-1 se conoce en la técnica. Para información general ver: The Maize Handbook, Chapter 116, Freeling and Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

Gen endógeno

La referencia aquí a un gen "endógeno" no solo se refiere al gen en cuestión como se encuentra en una planta en su forma natural (es decir, sin existir ninguna intervención humana), sino también se refiere a aquel mismo gen (o un ácido nucleico/gen sustancialmente homólogo) en una forma aislada posteriormente (re)introducida en una planta (un transgen). Por ejemplo, una planta transgénica que contiene dicho transgen puede encontrar una reducción sustancial de la expresión de transgen y/o la reducción sustancial de la expresión del gen endógeno. El gen aislado se puede aislar de un organismo o puede ser hecho por el hombre, por ejemplo mediante síntesis química.

Expresión reducida

La referencia aquí a "expresión reducida" o "reducción o eliminación sustancial" de expresión significa una reducción en la expresión del gen endógeno y/o los niveles de polipéptido y/o actividad de polipéptido con relación a las plantas de control. La reducción o eliminación sustancial está en orden aumentado de preferencia por lo menos de 10 %, 20 %, 30 %, 40% o 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, o 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99% o más reducido comparado con aquel de las plantas de control.

Para la reducción o eliminación sustancial de la expresión un gen endógeno en una planta, se requiere una longitud suficiente de nucleótidos sustancialmente contiguos de un secuencia de ácidos nucleicos. Con el fin de realizar inactivación del gen, esta puede ser tan poco como 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10 o pocos nucleótidos, alternativamente esta puede ser tanto como el gen completo (que incluye el UTR 5' y/o 3', ya sea en parte o en todo). El tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos se puede derivar del ácido nucleico que codifica la proteína de interés (gen objetivo), o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo o homólogo de la proteína de interés. Preferiblemente, El tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos es capaz de formar enlaces de hidrógeno con el gen objetivo (hebra codificante o anticodificante), más preferiblemente, el tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos tiene, en orden aumentado de preferencia, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 100 % de identidad de secuencia para el gen objetivo (hebra codificante o anticodificante). Una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido (funcional) no es un requerimiento para los diversos métodos discutidos aquí para la reducción o eliminación sustancial de la expresión de un gen endógeno.

Esta reducción o eliminación sustancial de la expresión se puede lograr utilizando herramientas y técnicas de rutina. Un método preferido para la reducción o eliminación sustancial de la expresión del gen endógeno es al introducir y expresar en una planta una construcción genética en la que el ácido nucleico (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos derivados del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo o homólogo de una cualquiera de las proteínas de interés) se clona como una repetición invertida (en parte o completamente), separado mediante un separador (ADN no codificante).

En tal método preferido, la expresión del gen endógeno se reduce o elimina sustancialmente a través de la inactivación mediada por ARN utilizando una repetición invertida de un ácido nucleico o una parte del mismo (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos derivados del gene de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo o homólogo de la proteína de interés), preferiblemente capaz de formar una estructura de horquilla. La repetición invertida se clona en un vector de expresión que comprende las secuencias de control. Una secuencia de ácidos nucleicos de ADN no codificante (un separador, por ejemplo un fragmento de la región de unión de matriz (MAR), un intrón, un poli-ligador, etc.) se ubica entre los dos ácidos nucleicos invertidos que forman la repetición invertida. Después de la transcripción de la repetición invertida, se forma un ARN quimérico con una estructura auto-complementaria (parcial o completa). Esta estructura de ARN de hebra doble se denomina como el ARN de horquilla (hpARN). El hpARN se procesa mediante la planta en los siARN que se incorporan en un complejo de inactivación inducido por ARN (RISC). El RISC divide adicionalmente los transcriptos de mARN, reduciendo por lo tanto sustancialmente el número de transcriptos de mARN que se van a traducir en los polipéptidos. Para detalles generales adicionales ver por ejemplo, Grierson et al. (1998) WO 98/53083; Waterhouse et al. (1999) WO 99/53050).

El desempeño de los métodos de la invención no se basa en introducir y expresar una planta una construcción genética en la que se clona el ácido nucleico como una repetición invertida, pero se puede utilizar cualquiera uno o más de los diversos métodos de "inactivación de gen" bien conocidos para lograr los mismos efectos.

Tal método para la reducción de la expresión del gen endógeno es inactivación mediada por ARN de la expresión de gen (regulación por disminución). La inactivación en este caso se activa en una planta mediante una secuencia de ARN de hebra doble (dsARN) que es sustancialmente similar al gen endógeno objetivo. Este dsARN se procesa adicionalmente mediante la planta de aproximadamente 20 a aproximadamente 26 nucleótidos denominados ARN de interferencia corta (siARN). Los siARN se incorporan en un complejo de inactivación inducida por ARN (RISC) que divide el transcripto de mARN del gen endógeno objetivo, reduciendo por lo tanto sustancialmente el número de transcriptos de mARN que se traducen en un polipéptido. Preferiblemente, la secuencia de ARN de hebra doble corresponde a un gen objetivo.

Otro ejemplo de un método de inactivación de ARN implica la introducción de las secuencias de ácidos nucleicos o partes de las mismas (en este caso un tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos derivados del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo o homólogo de la proteína de interés) en una orientación codificante en una planta. "Orientación codificante" se refiere a una secuencia de ADN que es homóloga a un transcripto de mARN de la misma. Por lo tanto se introduciría en una planta una copia la secuencia de ácidos nucleicos. La secuencia de ácidos nucleicos adicional reduciría la expresión del gen endógeno, surgiendo a un fenómeno conocido como co-supresión. La reducción de la expresión de gen sería más pronunciada si diversas copias adicionales de una secuencia de ácidos nucleicos se introducen dentro de una planta, cuando existe una correlación positiva entre altos niveles de transcripto y la activación de la co-supresión.

Otro ejemplo de un método de inactivación de ARN implica el uso de las secuencia de ácidos nucleicos anticodificantes. Una secuencia de ácidos nucleicos "anticodificante" comprende una secuencia de nucleótidos que es complementaria a una secuencia de ácidos nucleicos "codificante" que codifica una proteína, es decir complementaria a la hebra codificante de una molécula de cADN de hebra doble o complementaria a una secuencia de transcripto de mARN. La secuencia de ácidos nucleicos anticodificante es preferiblemente complementaria al gen endógeno que se va a inactivar. La complementariedad se puede ubicar en la "región codificante" y/o en la "región no codificante" de un gen. El término "región codificante" se refiere a una región de la secuencia de nucleótidos que comprende codones que se traducen en residuos de aminoácido. El término "región no codificante" se refiere a las secuencias 5' y 3' que flanquean la región codificante que se transcriben pero no se traducen en aminoácidos (también denominado como las regiones no traducidas 5' y 3').

Las secuencia de ácidos nucleicos anticodificantes se puede diseñar de acuerdo con las reglas de par base de Watson y Crick. La secuencia de ácidos nucleicos anticodificante puede ser complementaria a la secuencia de ácidos nucleicos completa (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos derivados del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo o homólogo de la proteína de interés), pero también puede ser un oligonucleótido que es anticodificante para solo una parte de la secuencia de ácidos nucleicos (que incluye el 5' y 3' UTR mARN). Por ejemplo, la secuencia de oligonucleótidos anticodificante puede ser complementaria a la región que rodea el sitio de inicio de traducción de un transcripto de mARN que codifica un polipéptido. La longitud de una secuencia de oligonucleótidos anticodificante se conoce en la técnica y puede iniciar de aproximadamente 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20, 15 o 10 nucleótidos de longitud o menos. Una secuencia de ácidos nucleicos anticodificante de acuerdo con la invención se puede construir utilizando síntesis química y las reacciones de ligación enzimática utilizando los métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos anticodificante (por ejemplo, una secuencia de oligonucleótidos anticodificante) se puede sintetizar químicamente utilizando los nucleótidos que ocurren en forma natural o varios nucleótidos modificados diseñados para aumentar la estabilidad biológica de las moléculas o para aumentar la estabilidad física del dúplex formado entre las secuencias de ácidos nucleicos codificante y anticodificante, por ejemplo, se pueden utilizar derivados fosforotioato y nucleótidos sustituidos por acridina. Ejemplos de nucleótidos modificados que se pueden utilizar para generar las secuencias de ácidos nucleicos anticodificantes se conocen bien en la técnica. Las modificaciones de nucleótido conocidas incluyen metilación, ciclación y 'caps' y sustitución de uno o más de los nucleótidos que ocurren en forma natural con un análogo tal como inosina. Otras modificaciones de nucleótidos se conocen bien en la técnica.

La secuencia de ácidos nucleicos anticodificante se puede producir biológicamente utilizando un vector de expresión en el que un secuencia de ácidos nucleicos se ha subclonado en una orientación anti-codificante (es decir, ARN transcripto del ácido nucleico insertado será de una orientación anti-codificante a un ácido nucleico objetivo de interés). Preferiblemente, la producción de las secuencias de ácidos nucleicos anticodificantes en plantas ocurre por medio de una construcción de ácido nucleico establemente integrada que comprende un promotor, un oligonucleótido anticodificante ligado operablemente, y un terminador.

Las moléculas de ácido nucleico utilizadas para inactivación en los métodos de la invención (si se introduce dentro de una planta o se genera in situ) hibridan con o se unen a los transcriptos de mARN y/o ADN genómico que codifica un polipéptido para inhibir por lo tanto la expresión de la proteína, por ejemplo, al inhibir la transcripción y/o traducción. La hibridación puede ser cualquier complementariedad convencional de nucleótido para formar un dúplex estable, o, por ejemplo, en el caso de una secuencia de ácidos nucleicos anticodificante que se une a los dúplex de ADN, a través de interacciones específicas en la ranura principal de la hélice doble. Las secuencias de ácidos nucleicos anticodificantes se pueden introducir dentro de una planta mediante transformación o la inyección directa a

un sitio de tejido específico. Alternativamente, las secuencias de ácidos nucleicos anticodificantes se pueden modificar para dirigir las células seleccionadas y luego se administran sistémicamente. Por ejemplo, para administración sistémica, las secuencias de ácidos nucleicos anticodificantes se pueden modificar de tal manera que se unen específicamente a los receptores o antígenos expresados sobre una superficie celular seleccionada, por ejemplo, al ligar la secuencia de ácidos nucleicos anticodificante a los péptidos o anticuerpos que se unen a los receptores o antígenos de superficie celular. Las secuencias de ácidos nucleicos anticodificantes también se pueden suministrar a células utilizando los vectores descritos aquí.

De acuerdo con un aspecto adicional, la secuencia de ácidos nucleicos anticodificante es una secuencia de ácidos nucleicos anomérica a. Una secuencia de ácidos nucleicos anomérica a forma híbridos de hebra doble específicos con ARN de complementariedad en el que, contrario a las unidades b usuales, las hebras corren paralelas entre sí (Gaultier et al. (1987) Nucl Ac Res 15: 6625-6641). La secuencia de ácidos nucleicos anticodificante también puede comprender un 2'-o-metilribonucleótido (Inoue et al. (1987) Nucl Ac Res 15, 6131-6148) o un análogo de ARN-ADN químérico (Inoue et al. (1987) FEBS Lett. 215, 327-330).

La reducción o eliminación sustancial de la expresión del gen endógeno también se puede realizar utilizando ribozimas. Las ribozimas son moléculas de ARN catalíticas con actividad de ribonucleasa que son capaces de dividir una secuencia de ácidos nucleicos de hebra doble, tal como un mARN, en el que tienen una región complementaria. Sin embargo, las ribozimas (por ejemplo, ribozimas cabeza de martillo (descritas en Haselhoff and Gerlach (1988) Nature 334, 585-591) se pueden utilizar para dividir catalíticamente los transcriptos de mARN que codifican un polipéptido, reduciendo sustancialmente por lo tanto el número de transcriptos de mARN que se van a traducir en un polipéptido. Una ribozima que tiene especificidad para un secuencia de ácidos nucleicos se puede diseñar (ver por ejemplo: Cech et al. Patente Estadounidense No. 4,987,071; y Cech et al. Patente Estadounidense No. 5,116,742). Alternativamente, los transcriptos de mARN que corresponden a una secuencia de ácidos nucleicos se pueden utilizar para seleccionar un ARN catalítico que tiene una actividad específica de ribonucleasa de un grupo de moléculas de ARN (Bartel and Szostak (1993) Science 261, 1411-1418). El uso de ribozimas para la inactivación del gen en plantas se conoce en la técnica (por ejemplo, Atkins et al. (1994) WO 94/00012; Lenne et al. (1995) WO 95/03404; Lutziger et al. (2000) WO 00/00619; Prinsen et al. (1997) WO 97/13865 y Scott et al. (1997) WO 97/38116).

También se puede llevar a cabo inactivación del gen mediante mutagenia de inserción (por ejemplo, inserción de T-ADN o inserción de trasposón) o mediante estrategias como se describe mediante, entre otros, Angell and Baulcombe ((1999) Plant J 20(3): 357-62), (Amplicon VIGS WO 98/36083), o Baulcombe (WO 99/15682).

También puede ocurrir inactivación de gen si existe una mutación en un gen endógeno y/o una mutación en un gen aislado/ácido nucleico posteriormente introducido dentro de una planta. La reducción o eliminación sustancial puede estar provocada por un polipéptido no funcional. Por ejemplo, el polipéptido se puede unir a diversas proteínas que interactúan; una o más mutaciones y/o truncaciones por lo tanto se proporciona para un polipéptido que es aún capaz de unir las proteínas que interactúan (tal como proteínas receptoras) pero que no pueden exhibir su función normal (tal como ligando de señalización).

Un método adicional para la inactivación de gen es al dirigir la secuencia de ácidos nucleicos complementaria a la región reguladora del gen (por ejemplo, el promotor y/o los mejoradores) para formar estructuras helicoidales triples que evitan la transcripción del gen en células objetivo. Ver Helene, C., Anticancer Drug Res. 6, 569-84, 1991; Helene et al., Ann. N.Y. Acad. Sci. 660, 27-36 1992; y Maher, L.J. Bioassays 14, 807-15, 1992.

Otros métodos, tal como el uso de anticuerpos dirigidos a un polipéptido endógeno para inhibir su función en la planta, o la interferencia en la ruta de señalización en la que está implicado un polipéptido, se conocerá por un experto. En particular, se puede prever que las moléculas hechas por el hombre pueden ser útiles para inhibir la función biológica de un polipéptido objetivo, o para interferir con la ruta de señalización en la que está implicado el polipéptido objetivo.

Alternativamente, se puede establecer un programa de detección hasta identificar en una población de plantas las variantes naturales de un gen, cuyas variantes codifican los polipéptidos con actividad reducida. Dichas variantes naturales también se pueden utilizar por ejemplo, para realizar recombinación homóloga.

Se pueden utilizar microARN artificiales y/o naturales (miARN) para modificar la expresión de gen y/o la traducción de mARN. Los miARN endógenos son ARN pequeños de hebra sencilla de normalmente 19-24 nucleótidos de largo. Estos funcionan principalmente para regular la expresión de gen y/o la traducción de mARN. La mayor parte de microARN de planta (miARN) tiene complementariedad perfecta o casi perfecta con sus secuencias objetivo. Sin embargo, existen objetivos naturales con hasta cinco emparejamientos incorrectos. Se procesan ARN no codificantes largos con estructuras de plegado características mediante RNAsas específicas de hebra doble de la familia Dicer. Luego de procesamiento, se incorporan en el complejo de inactivación inducido por ARN (RISC) al unirse a su componente principal, una proteína Argonauta. Los MiARN sirven como componentes de especificidad de RISC, debido a que los pares base dirigen los ácidos nucleicos, la mayoría de mARN, en el citoplasma. Los

eventos reguladores posteriores incluyen la división de mARN objetivo y destrucción y/o inhibición traduccional. Los efectos de la sobreexpresión de miARN así se reflejan frecuentemente en niveles de mARN reducidos de los genes objetivo.

5 Los microARN artificiales (amiARN), que tiene normalmente 21 nucleótidos de longitud, se pueden construir genéticamente por ingeniería específicamente para regular negativamente la expresión de gen de un único gen de interés o múltiples genes de interés. Los determinantes de la selección objetivo de microARN de planta se conocen bien en la técnica. Los parámetros empíricos para el reconocimiento objetivo se han definido y se pueden utilizar para ayudar en el diseño de los amiARN específicos, (Schwab et al., Dev. Cell 8, 517-527, 2005). Las herramientas convenientes para diseño y la generación de los amiARN y sus precursores también están disponibles para el público (Schwab et al., Célula de planta 18, 1121-1133, 2006).

10 Para desempeño óptimo, la inactivación de las técnicas de gen utilizadas para reducir la expresión en una planta de un gen endógeno requiere el uso de secuencia de ácidos nucleicos de plantas monocotiledóneas para la transformación de plantas monocotiledóneas, y de plantas dicotiledóneas para la transformación de plantas dicotiledóneas. Preferiblemente, una secuencia de ácidos nucleicos de cualquier especie de planta dada se introduce dentro de esta misma especie. Por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos de arroz se transforma en una planta de arroz. Sin embargo, no es un requerimiento absoluto de que la secuencia de ácidos nucleicos que se introduce se origina de la misma especie de planta como la planta en la que se introducirá. Es suficiente que exista una homología sustancial entre el gen objetivo endógeno y el ácido nucleico que se va a introducir.

15 20 Se describieron anteriormente los ejemplos de diversos métodos para la reducción o eliminación sustancial de la expresión en una planta de un gen endógeno. Un experto en la técnica sería fácilmente capaz de adaptar los métodos mencionados anteriormente para inactivación con el fin de lograr la reducción de la expresión de un gen endógeno en una planta completa o en partes de la misma a través del uso de un promotor apropiado, por ejemplo.

Marcador seleccionable (gen)/Gen indicador

25 30 35 40 "Marcador seleccionable", "gen de marcador seleccionable" o "gen indicador" incluye cualquier gen que confiere un fenotipo en una célula en el que se expresa para facilitar la identificación y/o selección de las células que se transfecan o se transforman con una construcción de ácido nucleico de la invención. Estos genes marcadores permiten la identificación de una transferencia exitosa de las moléculas de ácido nucleico por medio de una serie de diferentes principios. Los marcadores adecuados se pueden seleccionar de marcadores que confieren resistencia herbicida o antibiótica, que introducen un nuevo rasgo metabólico o que permiten selección visual. Ejemplos del gen de marcador seleccionable incluyen genes que confieren resistencia a los antibióticos (tal como nptII que fosforila neomicina y canamicina, o hpt, higromicina fosforilante, o genes que confieren resistencia a, por ejemplo, bleomicina, estreptomicina, tetraciclina, cloramfenicol, ampicilina, gentamicina, geneticina (G418), espectinomicina o blasticidina), a los herbicidas (por ejemplo bar que proporciona resistencia a Basta®; aroA o gox que proporciona resistencia contra el glifosato, o los genes que confieren resistencia a, por ejemplo, imidazolinona, fosfotricina o sulfonilurea), o genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como manA que le permite a las plantas utilizar mannosa como fuente única de carbono o isomerasa xilosa para la utilización de xilosa, o marcadores antinutritivos tal como la resistencia a 2-desoxiglucosa). La expresión visual de marcadores de genes resulta en la formación de color (por ejemplo β-glucuronidasa, GUS o β-galactosidasa con sus sustratos de color, por ejemplo X-Gal), luminiscencia (tal como el sistema luciferina/luciferasa) o fluorescencia (Proteína Fluorescente Verde, GFP, y derivados de los mismos. Esta lista solo representa un número pequeño de marcadores posibles. El trabajador experto está familiarizado con dichos marcadores. Se prefieren diferentes marcadores, dependiendo del organismo y el método de selección.

45 50 55 Se sabe que luego de integración estable o transitoria de ácidos nucleicos dentro de células de plantas, solo una minoría de las células se toma del ADN externo y, si se desea, lo integra dentro de su genoma, dependiendo del vector de expresión utilizado y la técnica de transfección utilizada. Para identificar y seleccionar estos integrantes, un gen que codifica un marcador seleccionable (tal como aquellos descritos anteriormente) se introduce usualmente en las células anfitrionas junto con el gen de interés. Estos marcadores por ejemplo se pueden utilizar en mutantes en los que estos genes no son funcionales mediante, por ejemplo, eliminación mediante métodos convencionales. Adicionalmente, las moléculas de ácidos nucleicos que codifican un marcador seleccionable se puede introducir dentro de una célula anfitriona en el mismo vector que comprende la secuencia que codifica los polipéptidos de la invención o se utilizan en los métodos de la invención, o si no en un vector separado. Las células que se han transfecido establemente con el ácido nucleico introducido se puede identificar por ejemplo mediante selección (por ejemplo, células que se han integrado del marcador seleccionable que sobrevive mientras que las otras células mueren).

Debido a que los genes marcadores, particularmente los genes para resistencia a antibióticos y herbicidas ya no se requieren o no se desean en la célula anfitriona transgénica, una vez los ácidos nucleicos se han introducido exitosamente, el proceso de acuerdo con la invención para introducir los ácidos nucleicos emplea ventajosamente técnicas que permiten el retiro o excisión de estos genes marcadores. Tal método es aquel que se conoce como co-

transformación. El método de co-transformación emplea dos vectores simultáneamente para la transformación, un vector que lleva el ácido nucleico de acuerdo con la invención y un segundo que lleva los genes marcadores. Una proporción grande de transformantes recibe o, en el caso de las plantas, comprende (hasta 40% o más de los transformantes), ambos vectores. En el caso de transformación con Agrobacteria, los transformantes usualmente reciben solo una parte del vector, es decir la secuencia flanquea por el T-ADN, que usualmente representa el casete de expresión. Los genes marcadores se pueden retirar posteriormente de la planta transformada al realizar cruces. En otro método, los genes marcadores integrados en un transposón se utilizan para la transformación junto el ácido nucleico deseado (conocido como tecnología Ac/Ds). Los transformantes se pueden cruzar con una fuente transposasa o los transformantes se transforman con una construcción de ácido nucleico que confiere expresión de una transposasa, transitoria o estable. En algunos casos (aproximadamente 10 %), el transposón salta del genoma de la célula anfitriona una vez ha tenido lugar la transformación exitosamente y se pierde. En un número adicional de casos, el transposón salta a una ubicación diferente. En estos casos el gen marcador se puede eliminar al realizar cruces. En microbiología, las técnicas que se realizan hacen posible, o facilitan, la detección de dichos eventos. Un método ventajoso adicional se basa en que se conocen sistemas de recombinación; cuya ventaja es que la eliminación mediante el cruce se puede dispensar. El sistema mejor conocido de este tipo es lo que se conoce como el sistema Cre/lox. Cre1 es una recombinasa que retira las secuencias ubicadas entre las secuencias loxP. Si el gen marcador se integra entre las secuencias loxP, se retira una vez ha tomado lugar la transformación exitosamente, mediante la expresión de la recombinasa. Los sistemas de recombinación adicionales son el sistema HIN/HIX, FLP/FRT y REP/STB (Tribble et al., J. Biol. Chem., 275, 2000: 22255-22267; Velmurugan et al., J. Cell Biol., 149, 2000: 553-566). Es posible una integración específica de sitio dentro del genoma de planta de la secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención. Naturalmente, estos métodos también se pueden aplicar a microorganismos tal como levadura, hongos o bacterias.

Transgénico/Transgen/Recombinante

Para el propósito de la invención, "transgénico", "transgen" o "recombinante" significa con respecto a, por ejemplo, un secuencia de ácidos nucleicos, un casete de expresión, construcción de gen o un vector que comprende la secuencia de ácidos nucleicos o un organismo transformado con la secuencia de ácidos nucleicos, los cassetes o vectores de expresión de acuerdo con la invención, todas aquellas construcciones provocadas mediante métodos recombinantes en los que

- (a) la secuencia de ácidos nucleicos que codifica las proteínas útiles en los métodos de la invención, o
- 30 (b) secuencia genética de control que se liga operablemente con la secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, por ejemplo un promotor, o
- (c) a) y b)

no se ubican en su ambiente genético natural o se han modificado mediante métodos recombinantes, es posible para que la modificación tome la forma de, por ejemplo, una sustitución, adición, eliminación, inversión o inserción de uno o más residuos de nucleótido. Se entiende qué ambiente genético natural significa el locus cromosómico o genómico natural en la planta original o la presencia en una colección genómica. En el caso de una colección genómica, el ambiente genético natural de la secuencia de ácidos nucleicos se retiene preferiblemente, por lo menos en parte. El ambiente flanquea la secuencia de ácidos nucleicos en por lo menos un lado y tiene una longitud de secuencia de por lo menos 50 bp, preferiblemente por lo menos 500 bp, especialmente preferiblemente por lo menos 1000 bp, más preferiblemente por lo menos 5000 bp. Un casete de expresión que ocurre en forma natural - por ejemplo la combinación que ocurre en forma natural del promotor natural de la secuencia de ácidos nucleicos con la secuencia de ácidos nucleicos correspondiente que codifica un polipéptido útil en los métodos de la presente invención, como se definió anteriormente – llega a ser un casete de expresión transgénica cuando este casete de expresión se modifica mediante métodos sintéticos no naturales ("artificiales") tal como, por ejemplo, tratamiento mutagénico. Se describen métodos adecuados, por ejemplo, en los documentos US 5,565,350 o WO 00/15815.

Una planta transgénica para el propósito de la invención así se entiende que significa, como anteriormente, que los ácidos nucleicos utilizados en el método de la invención no está en su locus natural en el genoma de dicha planta, es posible para los ácidos nucleicos expresar homólogamente o heterólogamente. Sin embargo, como se menciona, transgénico también significa que, aunque los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención o utilizados en el método de la invención están en su posición natural en el genoma de una planta, la secuencia se ha modificado con respecto a la secuencia natural, y/o que las secuencias reguladoras de las secuencias naturales que se han modificado. Transgénico se entiende preferiblemente que significa la expresión de los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención a un locus no natural en el genoma, es decir tiene lugar la expresión homóloga o, preferiblemente, heteróloga de los ácidos nucleicos. Se mencionan aquí las plantas transgénicas preferidas.

El término "introducción" o "transformación" como se denomina aquí abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno dentro de una célula anfitriona, independiente del método utilizado para transferencia. El tejido de planta capaz de propagación clónica posterior, mediante organogenia o embriogenia, se puede transformar con una construcción genética de la presente invención y una planta completa regenerada. El tejido particular seleccionado variará dependiendo de los sistemas de propagación clónica disponibles para, y se adapta mejor a, las especies particulares que se van a transformar. Los objetivos de tejido de ejemplo incluyen discos de hoja, polen, embriones, cotiledóneas, hipocotiledóneas, megagametofitos, tejido de callo, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristema apical, brotes axilares, y meristemas de raíz), e inducen tejido de meristema (por ejemplo, meristema cotiledón y meristema hipocotiledón). El polinucleótido se puede introducir transitoriamente o establemente dentro de una célula anfitriona y se puede mantener no integrado, por ejemplo, como un plásmido. Alternativamente, se puede integrar dentro del genoma anfítrion. La célula de planta transformada resultante luego se puede utilizar para regenerar una planta transformada en una forma conocida por las personas expertas en la técnica.

La transferencia de genes externos dentro del genoma de una planta se denomina transformación. La transformación de especies de planta ahora es una técnica bastante habitual. Ventajosamente, cualquiera de los diversos métodos de transformación se puede utilizar para introducir el gen de interés en una célula antecesora adecuada. Los métodos descritos para la transformación y regeneración de plantas de tejidos de planta o células de plantas se pueden utilizar para transformación transitoria o estable. Los métodos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, químicos que aumentan la absorción de ADN libre, inyección del ADN directamente dentro de la planta, pistola de bombardeo de partículas, transformación utilizando virus o polen y microproyección. Los métodos se pueden seleccionar del método de calcio/polietilenglicol para protoplastos (Krens, F.A. et al., (1982) Nature 296, 72-74; Negruiti I et al. (1987) Plant Mol Biol 8: 363-373); electroporación de protoplastos (Shillito R.D. et al. (1985) Bio/Technol 3, 1099-1102); microinyección en material de planta (Crossway A. et al., (1986) Mol. Gen Genet 202: 179-185); bombardeo de partículas cubierto con ADN o ARN (Klein TM et al., (1987) Nature 327: 70) infección con virus (no integrantes) y similares. Las plantas transgénicas, que incluyen plantas de cultivo transgénico, se producen preferiblemente por medio de transformación mediada por *Agrobacterium*. Un método ventajoso de transformación es la transformación *en la planta*. Para este fin, es posible, por ejemplo, permitir que la agrobacteria actúe en semillas de planta o para inocular el meristema de planta con agrobacterias. Se ha demostrado particularmente conveniente de acuerdo con la invención permitir una suspensión de agrobacterias transformadas para actuar en la planta intacta o por lo menos en primordios florales. La planta crece posteriormente hasta que se obtienen semillas de la planta tratada (Clough and Bent, Plant J. (1998) 16, 735-743). Los métodos para la transformación mediada por *Agrobacterium* de arroz incluyen métodos bien conocidos para la transformación del arroz, tal como aquellos descritos en cualquiera de los siguientes: la solicitud de patente Europea EP 1198985 A1, Aldemita and Hodges (Planta 199: 612-617, 1996); Chan et al. (Plant Mol Biol 22 (3): 491-506, 1993), Hiei et al. (Plant J 6 (2): 271-282, 1994), cuyas descripciones se incorporan aquí como referencia como se establece completamente. En el caso de la transformación de maíz, el método preferido es como se describe en Ishida et al. (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) o Frame et al. (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002), cuyas descripciones se incorporan aquí como referencia como si se estableciera completamente. Dichos métodos se describen adicionalmente por vía de ejemplo en B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung y R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 y en Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205-225). Los ácidos nucleicos o la construcción que se va a expresar se clona preferiblemente dentro de un vector, que es adecuado para transformar *Agrobacterium tumefaciens*, por ejemplo pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). La agrobacteria transformada por dicho vector luego se puede utilizar en la forma conocida para la transformación de plantas, tal como las plantas utilizadas como un modelo, como *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* que está dentro del alcance de la presente invención no se considera como una planta de cultivo), o plantas de cultivo tal como, por vía de ejemplo, plantas de tabaco, por ejemplo al sumergir hojas magulladas u hojas picadas en una solución agrobacteriana luego cultivarlas en medio adecuado. La transformación de las plantas por medio de *Agrobacterium tumefaciens* se describe, por ejemplo, mediante Höfgen and Willmitzer in Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 o se conoce inter alia de F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, pp. 15-38.

Adicionalmente a la transformación de células somáticas, que luego se han regenerado en plantas intactas, también es posible transformar las células de meristemas de planta y en particular aquellas células que se desarrollan en gametos. En este caso, los gametos transformados siguen el desarrollo natural de la planta, surgiendo en plantas transgénicas. Sin embargo, por ejemplo, las semillas de *Arabidopsis* que se tratan con agrobacterias y semillas se obtienen del desarrollo de plantas de las que se transforma una cierta porción y así transgénico [Feldman, KA y Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208:274-289; Feldmann K (1992). In: C Koncz, N-H Chua y J Shell, eds, Methods in *Arabidopsis* Research. Word Scientific, Singapore, pp. 274-289]. Los métodos alternativos son con base en el retiro repetido de las inflorescencias y la incubación del sitio de excisión en el centro de la roseta con agrobacteria transformada, por lo que las semillas transformadas se pueden obtener de forma similar a un punto final de tiempo (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). Sin embargo, un método especialmente efectivo es el método de infiltración pos vacío con sus modificaciones tal como el método de "inmersión floral". En el caso de infiltración por vacío de *Arabidopsis*, las plantas intactas bajo presión reducida se tratan con una suspensión agrobacteriana [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194-1199],

mientras que en caso del método "inmersión floral" el tejido floral desarrollado se incuba brevemente con una suspensión agrobacteriana tratada con tensoactivo [Clough, SJ y Bent AF (1998) *The Plant J.* 16, 735-743]. Se cosecha una cierta proporción de semillas transgénicas en ambos casos, y estas semillas se pueden distinguir de semillas no transgénicas al cultivar bajo las condiciones selectivas descritas anteriormente. Además la transformación estable de los plástidos es de ventaja debido a que los plásticos se heredan maternalmente en la mayor parte de los cultivos reduciendo o eliminando el riesgo de flujo de transgen a través del polen. La transformación del genoma de cloroplasto se logra de manera general mediante un proceso que se ha exhibido esquemáticamente en Klaus et al., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. En resumen las secuencias que se van a transformar se clonian junto con un gen de marcador seleccionable entre las secuencias de flanqueo homólogas al genoma de cloroplasto. Estas secuencias de flanqueo homólogas dirigen la integración específica de sitio dentro del plastoma. Se ha descrito la transformación del plástico para muchas diferentes especies de planta y se da una revisión e Bock (2001) *Transgenic plastids in basic research and plant biotechnology.* J Mol Biol. 2001 Sep 21; 312 (3):425-38 o Maliga, P (2003) *Progress towards commercialization of plastid transformation technology.* Trends Biotechnol. 21, 20-28. El progreso biotecnológico adicional se ha reportado recientemente en la forma de transformantes de plástico libres de marcador, que se pueden producir por un gen marcador co-integrado transitorio (Klaus et al., 2004, *Nature Biotechnology* 22(2), 225-229).

Etiquetado en activación de T-ADN

El etiquetado en activación de T-ADN (Hayashi et al. *Science* (1992) 1350-1353), implica la inserción de T-ADN, que contiene usualmente un promotor (también puede ser un mejorador de traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 kb en la dirección 3' o 5' de la región codificante de un gen en una configuración de tal manera que el promotor dirige la expresión del gen objetivo. Normalmente, la regulación de la expresión del gen objetivo mediante su promotor natural se interrumpe y el gen cae bajo el control del promotor nuevamente inducido. El promotor se incorpora típicamente en un T-ADN. Este T-ADN se inserta aleatoriamente dentro del genoma de la planta, por ejemplo, a través de infección por *Agrobacterium* y conduce a expresión modificada de genes cerca al T-ADN insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominante debido a la expresión modificada de los genes cerca al promotor introducido.

TILLING

El término "TILLING" es una abreviatura de "Lesiones Locales Inducidas en Blancos de Genomas" y se refiere a una tecnología de mutagenia útil para generar y/o identificar los ácido nucleicos que codifican las proteínas con expresión y/o actividad modificada. TILLING también permite la selección de plantas que llevan dichas variantes mutantes. Estas variantes mutantes pueden exhibir expresión modificada, en resistencia o en ubicación o en tiempo (por ejemplo si las mutaciones afectan el promotor). Estas variantes mutantes pueden exhibir mayor actividad que aquella exhibida mediante el gen en su forma natural. TILLING combina mutagenia de alta densidad con métodos de detección de alto rendimiento. Las etapas que siguen normalmente en TILLING son: (a) mutagenia EMS (Redei GP and Koncz C (1992) In *Methods in Arabidopsis Research*, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, pp. 16-82; Feldmann et al., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, *Arabidopsis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp 137-172; Lightner J and Caspar T (1998) In J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, *Methods on molecular biology*, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, pp 91-104); (b) preparación y agrupamiento de ADN en individuos; (c) amplificación de PCR de una región de interés; (d) desnaturización e hibridación para permitir la formación de heterodúplex; (e) DHPLC, en donde la presencia de un heterodúplex en un grupo se detecta como un pico extra en el cromatograma; (f) identificación del mutante individual; y (g) secuenciamiento del producto PCR mutante. Los métodos para TILLING se conocen bien en la técnica (McCallum et al., (2000) *Nat Biotechnol* 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) *Nat Rev Genet* 5(2): 145-50).

45 Recombinación homóloga

La recombinación homóloga permite la introducción en un genoma de un ácido nucleico seleccionado a una posición seleccionada definida. La recombinación homóloga es una tecnología estándar utilizada rutinariamente en ciencias biológicas para organismos menores tal como levadura o el musgo *Physcomitrella*. Los métodos para realizar recombinación homóloga en plantas se ha descrito no solo para el modelo de plantas (Offringa et al. (1990) *EMBO J* 9(10): 3077-84) sino también para plantas de cultivo, por ejemplo arroz (Terada et al. (2002) *Nat Biotech* 20(10): 1030-4; Iida and Terada (2004) *Curr Opin Biotech* 15(2): 132-8), y existen métodos que son de manera general aplicables independiente del organismo objetivo (Miller et al, *Nature Biotechnol.* 25, 778-785, 2007).

Producción

El término "producción" en general significa una medición producida de valor económico, relacionado normalmente con un cultivo específico, con un área, y con un periodo. Las partes de planta individuales directamente contribuyen a producción con base en su número, tamaño y/o peso, o la producción actual es la producción por metro cuadrado de un cultivo y año, que se determina al dividir la producción total (incluyendo producción cosechada y valorada) por

metro cuadrado plantado. El término "producción" de una planta se puede relacionar a biomasa vegetativa (biomasa de raíz y/o brote), para órganos reproductivos, y/o a propágulos (tal como semillas) de esta planta.

Vigor temprano

"Vigor temprano" se refiere un crecimiento bien balanceado saludable activo especialmente durante las etapas tempranas del crecimiento de la planta, y puede resultar de aumento de adecuación de la planta debido a, por ejemplo, las plantas que se adaptan mejor a su ambiente (es decir optimizando el uso de fuentes de energía y particionamiento entre brote y raíz). Las plantas que tienen vigor temprano también muestran supervivencia aumentada de plántula y un mejor establecimiento del cultivo, que resulta frecuentemente en campos altamente uniformes (con el cultivo que crece de forma uniforme, es decir con la mayoría de plantas que alcanzan las varias etapas de desarrollo a sustancialmente el mismo tiempo), y frecuentemente mejor y mayor producción. Por lo tanto, se puede determinar el vigor temprano al medir diversos factores, tal como peso de grano en miles, porcentaje de germinación, porcentaje de emergencia, crecimiento de plántula, altura de plántula, longitud de raíz, biomasa de brote y raíz y muchos más.

Aumento/Mejora/Intensificación

Los términos "aumento", "mejora" o "intensificación" son intercambiables y comprenderían en el mismo sentido de aplicación por lo menos a 3 %, 4 %, 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9% o 10 %, preferiblemente por lo menos 15 % o 20 %, más preferiblemente 25 %, 30 %, 35 % o 40 % más producción y/o crecimiento en comparación con plantas de control como se define aquí.

Producción de semilla

La producción de semilla aumentada puede manifestar pos sí misma como uno o más de los siguientes: a) un aumento en biomasa de semilla (peso total de semilla) que puede estar sobre una semilla individual y/o por planta y/o por metro cuadrado; b) número aumentado de flores por planta; c) número aumentado de semillas (llenas); d) índice de llenado de semilla aumentado (que se expresa como la relación entre el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas); e) índice de cosecha aumentado, que se expresa como una relación de la producción de partes cosechables, tal como semillas, dividido por la biomasa total; y f) aumento en el peso de grano en miles (TKW), que se extrae del número de semillas llenas contadas y su peso total. Un TKW aumentado puede resultar de un tamaño aumentado de semilla y/o peso de semilla, y también puede resultar de un aumento en el tamaño de embriones y/o endosperma.

También se puede manifestar un aumento en la producción de semilla como un aumento en el tamaño de la semilla y/o volumen de la semilla. Adicionalmente, también se puede manifestar un aumento en la producción de semilla en sí mismo como un aumento en el área de semilla y/o longitud de semilla y/o ancho de semilla y/o perímetro de semilla. La producción aumentada también puede resultar en arquitectura modificada, o puede ocurrir debido a la arquitectura modificada.

Índice de verdor

El "índice de verdor" como se utiliza aquí se calcula de imágenes digitales de plantas. Para cada pixel que pertenece al objeto de la planta sobre la imagen, se calcula la relación del valor verde versus el valor rojo (en el modelo RGB por el que se codifica el color). El índice de verdor se expresa como el porcentaje de pixeles para el que la relación de verde a rojo excede un umbral dado. Bajo condiciones de crecimiento normales, bajo condiciones de crecimiento de estrés por sal, y bajo condiciones de crecimiento disponibles de nutrientes reducidos, se mide el índice de verdor de plantas en la última imagen antes de florecimiento. En contraste, bajo condiciones de crecimiento de estrés por sequía, el índice de verdor de plantas se mide en la primera imagen después de sequía.

Planta

El término "planta" como se utiliza aquí abarca plantas completas, antecesores y progenie de las plantas y partes de planta, que incluye semillas, brotes, tallos, hojas, raíces (que incluye tubérculos), flores, y tejidos y órganos, en donde cada uno de los mencionados anteriormente comprende el gen/ácido nucleico de interés. El término "planta" también abarca células de planta, cultivos de suspensión, tejido de callo, embriones, regiones meristemáticas, gametofitos, esporofitos, polen y microesporas, de nuevo en donde cada uno de los mencionados anteriormente comprende el gen/ácido nucleico de interés.

Las plantas que son particularmente útiles en métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia Viridiplantae, en particular monocotiledóneas y plantas dicotiledóneas que incluyen forraje o legumbres forrajeras, plantas ornamentales, cultivos de alimentos, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acer spp.*, *Actinidia spp.*, *Abelmoschus spp.*, *Agave sisalana*, *Agropyron spp.*, *Agrostis stolonifera*, *Allium*

spp., *Amaranthus* spp., *Ammophila arenaria*, *Ananas comosus*, *Annona* spp., *Apium graveolens*, *Arachis* spp., *Artocarpus* spp., *Asparagus officinalis*, *Avena* spp. (por ejemplo *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida*), *Averrhoa carambola*, *Bambusa* sp., *Benincasa hispida*, *Bertholletia excelsa*, *Beta vulgaris*, *Brassica* spp. (por ejemplo *Brassica napus*, *Brassica rapa* spp. [canola, colza, nabo]), *Cadaba farinosa*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Cannabis sativa*, *Capsicum* spp., *Carex elata*, *Carica papaya*, *Carissa macrocarpa*, *Carya* spp., *Carthamus tinctorius*, *Castanea* spp., *Ceiba pentandra*, *Cichorium endivia*, *Cinnamomum* spp., *Citrus lanatus*, *Citrus* spp., *Cocos* spp., *Coffea* spp., *Colocasia esculenta*, *Cola* spp., *Corchorus* sp., *Coriandrum sativum*, *Corylus* spp., *Crataegus* spp., *Crocus sativus*, *Cucurbita* spp., *Cucumis* spp., *Cynara* spp., *Daucus carota*, *Desmodium* spp., *Dimocarpus longan*, *Dioscorea* spp., *Diospyros* spp., *Echinocloa* spp., *Elaeis* (por ejemplo *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Eragrostis tef*, *Erianthus* sp., *Eriobotrya japonica*, *Eucalyptus* sp., *Eugenia uniflora*, *Fagopyrum* spp., *Fagus* spp., *Festuca arundinacea*, *Ficus carica*, *Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Ginkgo biloba*, *Glycine* spp. (por ejemplo *Glycine max*, *Soja hispida* o *Soja max*), *Gossypium hirsutum*, *Helianthus* spp. (por ejemplo *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva*, *Hibiscus* spp., *Hordeum* spp. (por ejemplo *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas*, *Juglans* spp., *Lactuca sativa*, *Lathyrus* spp., *Lens culinaris*, *Linum usitatissimum*, *Litchi chinensis*, *Lotus* spp., *Luffa acutangula*, *Lupinus* spp., *Luzula sylvatica*, *Lycopersicon* spp. (por ejemplo *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*), *Macrorhoma* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata*, *Mammea americana*, *Mangifera indica*, *Manihot* spp., *Manilkara zapota*, *Medicago sativa*, *Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Misanthus sinensis*, *Momordica* spp., *Morus nigra*, *Musa* spp., *Nicotiana* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Omithopus* spp., *Oryza* spp. (por ejemplo *Oryza sativa*, *Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum*, *Panicum virgatum*, *Passiflora edulis*, *Pastinaca sativa*, *Pennisetum* sp., *Persea* spp., *Petroselinum crispum*, *Phalaris arundinacea*, *Phaseolus* spp., *Phleum pratense*, *Phoenix* spp., *Phragmites australis*, *Physalis* spp., *Pinus* spp., *Pistacia vera*, *Pisum* spp., *Poa* spp., *Populus* spp., *Prosopis* spp., *Prunus* spp., *Psidium* spp., *Punica granatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphanus sativus*, *Rheum rhabarbarum*, *Ribes* spp., *Ricinus communis*, *Rubus* spp., *Saccharum* spp., *Salix* sp., *Sambucus* spp., *Secale cereale*, *Sesamum* spp., *Sinapis* sp., *Solanum* spp. (por ejemplo *Solanum tuberosum*, *Solanum integrifolium* o *Solanum lycopersicum*), *Sorgo bicolor*, *Spinacia* spp., *Syzygium* spp., *Tagetes* spp., *Tamarindus indica*, *Theobroma cacao*, *Trifolium* spp., *Tripsacum oides*, *Triticosecale rimpau*, *Triticum* spp. (por ejemplo *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum*, *Triticum monococcum* o *Triticum vulgare*), *Tropaeolum minus*, *Tropaeolum majus*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vigna* spp., *Viola odorata*, *Vitis* spp., *Zea mays*, *Zizania palustris*, *Ziziphus* spp., entre otros.

30 Descripción detallada la invención

De forma sorprendente, ahora se ha encontrado que aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 da plantas que tiene producción de semilla aumentada con relación a plantas de control, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media. De acuerdo con una primera realización, la presente invención proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas con relación a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Un método preferido para la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 es al introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

40 Cualquier referencia aquí adelante a una "proteína útil en los métodos de la invención" significa un polipéptido similar a bHLH11 como se define aquí. Cualquier referencia aquí adelante a un "ácido nucleico útil en los métodos de la invención" significa un ácido nucleico capaz de codificar dicho polipéptido similar a bHLH11. El ácido nucleico que se va a introducir dentro de una planta (y por lo tanto útil en realizar los métodos de la invención) es cualquier ácido nucleico que codifica el tipo de proteína que ahora se describirá, adelante también denominado "ácido nucleico similar a bHLH11" o "gen similar a bHLH11".

45 Un "polipéptido similar a bHLH11" como se define aquí se refiere a cualquier polipéptido que comprende un dominio básico seguido por un dominio HLH (HMMPFam PF00010, ProfileScan PS50888, SMART SM00353) formando por lo tanto un dominio hélice-bucle-hélice (bHLH) (Interpro IPR001092). Preferiblemente, el polipéptido similar a bHLH11 comprende por lo menos uno, preferiblemente dos, más preferiblemente tres, más preferiblemente cuatro o más de los siguientes motivos:

Motivo 1 (SEQ ID NO: 246): (E/D)(D/S/E)(F/M)(UF)(D/E/Q/L)(Q/H/E)

Motivo 2 (SEQ ID NO: 247): RA(R/I/Q)RG(Q/H)ATDPHSIAER

Motivo 3 (SEQ ID NO: 248): (M/I/V/L)(K/R)(A/S/QID/N)LQ(E/D/V)LVP

Motivo 4 (SEQ ID NO: 249): (M/I)(L/I)DEI(I/V/L)(D/E/G)Y(V/UI)(K/R)FL(Q/R)LQ(V/I)K

Motivo 5 (SEQ ID NO: 250): (V/I)LSMSR(L/V)G

Motivo 6 (SEQ ID NO: 251):

V(A/V/L/I)(K/R)(L/M)(M/L)(E/D)(E/D/S/K/T)(D/N/S)(M/V/I)(G/T/I)XAMQ(Y/L/F)L

en donde X puede ser cualquier aminoácido, pero preferiblemente uno de S, T, A, M, K, N I

5 Motivo 7 (SEQ ID NO: 252): (M/V)(P/S)(I/V)(S/A)LA.

Alternativamente, el homólogo de una proteína similar a bHLH11 tiene un orden aumentado de preferencia por lo menos 25 %, 26 %, 27 %, 28 %, 29 %, 30 %, 31 %, 32 %, 33 %, 34 %, 35 %, 36 %, 37 %, 38 %, 39 %, 40 %, 41 %, 42 %, 43 %, 44 %, 45 %, 46 %, 47 %, 48 %, 49 %, 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 10 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, o 99 % de identidad de secuencia general para la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO: 245, dado que la proteína homóloga comprende los motivos conservados como se destaca anteriormente. La identidad de secuencia general se determina utilizando un algoritmo de alineación global, tal como el algoritmo de Needleman Wunsch en el programa GAP (Paquete GCG Wisconsin, Accelrys), preferiblemente con parámetros predeterminados. Comparado con la identidad de secuencia general, la identidad de secuencia será de manera general mayor cuando solo se consideran dominios o motivos conservados. La conservación de secuencia es mucho mayor en la región del dominio bHLH (ver Tabla E3 en el Ejemplo 453 y Figura 24). Por lo tanto el dominio bHLH es un buen criterio para definir el grupo de proteína similar a bHLH11s. Preferiblemente, el polipéptido similar a bHLH11 comprende la secuencia del Motivo 8 (SEQ ID NO: 253):
20 SIAERLRRERIAERMRALQELVPNNTDKTDRAMLDEILDYVKFLRLQVKVL, o una secuencia que tiene, un orden de aumento de preferencia, por lo menos 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %. 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, o 99 % de identidad de secuencia para la SEQ ID NO: 253. El dominio HLH según se determina por SMART abarca el residuo 132 a 181 en la SEQ ID NO: 245 y está comprendido en el Motivo 8.
25 Preferiblemente, la secuencia de polipéptidos cuando se utiliza en la construcción de un árbol filogenético, tal como el descrito en la Figura 3, los grupos dentro del grupo de proteína similar a bHLH11, a diferencia de con otras proteínas bHLH. De forma similar, la proteína similar a bHLH11 de elección se agrupará dentro del subgrupo C cuando se construye un árbol de acuerdo con la Figure 6 en Li et al. (2006), a diferencia de con cualquier otro grupo.
30 Los términos "dominio", "característica" y "motivo" se definen en la sección "definiciones" aquí. La base de datos especialista existe para la identificación de los dominios, por ejemplo, SMART (Schultz et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857-5864; Letunic et al. (2002) Nucleic acids Res 30, 242-244), InterPro (Mulder et al., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315-318), Prosite (Bucher and Bairoch (1994), Una sintaxis de perfil generalizado para motivos de secuencias biomoleculares y su función en la interpretación de secuencias automáticas. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., 35 Searls D., Eds., pp53-61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo et al., Nucl. Acids. Res. 32:D134-D137. (2004)), o Pfam (Bateman et al., Nucl. Acids. Research 30(1): 276-280 (2002)). Un conjunto de herramientas para análisis *in silico* de las secuencias de proteína está disponible en el servidor ExPASy proteomics (Swiss Institute of Bioinformatics (Gasteiger et al., ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, Nucleic Acids. Res. 31:3784-3788(2003)). Los dominios o motivos también se pueden identificar utilizando técnicas de rutina, tal como mediante alineación de secuenciamento.
40

Los métodos para la alineación de las secuencias para comparación se conocen bien en la técnica, dichos métodos incluyen GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. El GAP utiliza el algoritmo de Needleman and Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443-453) para encontrar la alineación global (es decir abarca las secuencias completas) de las dos secuencias que maximizan el número de emparejamientos y minimiza el número de espacios. El algoritmo BLAST (Altschul et al. (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula el porcentaje de identidad de secuencia y desarrolla un análisis estadístico de la similitud entre las dos secuencias. El software para realizar análisis BLAST está públicamente disponible a través el Centro Nacional para Información sobre Biotecnología (NCBI). Se pueden identificar fácilmente homólogos utilizando, por ejemplo, el algoritmo de alineación de secuencia múltiple ClustalW (versión 1.83), con los parámetros de alineación predeterminados en forma de pares, y un método de clasificación en porcentaje. Los porcentajes globales de similitud e identidad también se pueden determinar utilizando uno de los métodos disponibles en el paquete de software MatGAT (Campanella et al., BMC Bioinformatics. 2003 Jul 10; 4:29. MatGAT: una aplicación que genera matrices de similitud/ identidad utilizando las secuencias de ADN o proteína.). Se puede realizar edición manual menor para optimizar la alineación entre los motivos conservados, como sería evidente por una persona experta en la técnica. Adicionalmente, en lugar de utilizar las secuencias de longitud completa para la identificación de homólogos, dominios específicos también se puede utilizar. Los valores de identidad de secuencia se pueden determinar sobre la secuencia de ácido nucleicos o aminoácidos completa o sobre dominios o motivos conservados seleccionados, utilizando los programas mencionados anteriormente utilizando los parámetros

predeterminados. Para alineaciones locales, el algoritmo Smith-Waterman es particularmente útil (Smith TF, Waterman MS (1981) J. Mol. Biol 147(1); 195-7).

Adicionalmente, los polipéptidos similares a bHLH11 (por lo menos en su forma natural) tienen normalmente actividad de unión de ADN. Las herramientas y técnicas para medir la actividad de unión de ADN se conocen bien en la técnica. Adicionalmente, como se muestra en la presente invención, una proteína similar a bHLH11, tal como SEQ ID NO: 245, cuando se sobreexpresa en arroz bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media, da plantas que tienen producción de semilla aumentada, en particular índice de llenado aumentado. Se proporcionan detalles adicionales en la sección de Ejemplos.

La presente invención se ilustra al transformar plantas con la secuencia de ácidos nucleicos representada por la SEQ ID NO: 244, que codifica la secuencia de polipéptidos de la SEQ ID NO: 245. Sin embargo, el desempeño de la invención no está restringido a estas secuencias; los métodos de la invención se pueden realizar ventajosamente utilizando cualquier ácido nucleico o polipéptido que codifica bHLH11 similar a bHLH11 como se define aquí.

Ejemplos de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 se dan en la Tabla E1 del Ejemplo 431 aquí. Dichos ácidos nucleicos son útiles en el desarrollo de los métodos de la invención. La secuencia de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 431 son secuencias de ejemplo de ortólogos y parálogos del polipéptido similar a bHLH11 representado por la SEQ ID NO: 245, los términos "ortólogos" y "parálogos" son como se define aquí. Los ortólogos y parálogos adicionales se pueden identificar fácilmente al realizar una así llamada búsqueda blast recíproca. Normalmente, esto implica el primer BLAST que implica una secuencia de consulta BLASTing (por ejemplo utilizando cualquiera de las secuencias enumeradas en la Tabla E1 del Ejemplo 41) contra cualquier base de datos de secuencia, tal como la base de datos NCBI públicamente disponible. BLASTN o TBLASTX (utilizando valores estándar predeterminados) se utilizan de manera general cuando se parte de una secuencia de nucleótidos, y BLASTP o TBLASTN (utilizando valores estándar predeterminados) cuando parte de una secuencia de proteína. Los resultados BLAST se pueden filtrar opcionalmente. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o resultados no filtrados son luego se realiza nuevamente búsqueda BLASTed (segundo BLAST) contra las secuencias del organismo del que se deriva la secuencia de consulta (en donde la secuencia de consulta es la SEQ ID NO: 244 o SEQ ID NO: 245, el segundo BLAST estaría por lo tanto contra las secuencias *Triticum aestivum*). Los resultados del primer y segundo BLAST luego se comparan. Se identifica un parólogo si un acierto de alta clasificación del primer blast es de la misma especie de la que se deriva la secuencia de consulta, luego de nuevo un BLAST resulta idealmente en la secuencia de consulta entre mayores aciertos; se identifica un ortólogo si un acierto de alta clasificación en el primer BLAST no es de la misma especie del que se deriva la secuencia de consulta, y preferiblemente resulta luego de un nuevo BLAST en la secuencia de consulta está entre los mayores aciertos.

Los aciertos de alta clasificación son aquellos que tienen un valor E bajo. El valor E menor, la clasificación más significativa (o en otras palabras menor es la probabilidad de que se encuentra el acierto por oportunidad). La computación del valor E se conoce bien en la técnica. Además de los valores E, las comparaciones también se clasifica mediante el porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad se refiere al número de nucleótidos idénticos (o aminoácidos) entre las dos secuencias de ácidos nucleicos comparadas (o polipéptido) sobre una longitud particular. En el caso de grandes familias, se puede utilizar ClustalW, seguido por un árbol que se une al vecino, para ayudar a visualizar el agrupamiento de los genes relacionados y para identificar los ortólogos y parálogos.

También pueden ser útiles las variantes de ácido nucleico en la práctica de los métodos de la invención. Ejemplos de dichas variantes incluyen ácidos nucleicos que codifican homólogos y derivados de una cualquiera de la secuencia de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 41, los términos "homólogo" y "derivado" son como se define aquí. También son útiles en los métodos de la invención los ácidos nucleicos que codifican los homólogos y derivados de ortólogos o parálogos de una cualquiera de la secuencia de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 431. Los homólogos y derivados útiles en los métodos de la presente invención tienen sustancialmente la misma actividad biológica y funcional como la proteína no modificada de la que derivan.

Las variantes de ácido nucleico adicionales útiles en la práctica de los métodos de la invención incluyen porciones de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11, ácido nucleicos que hibridan a ácido nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11, variante de empalme de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11, variantes alélicas de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 y variantes de ácido nucleico que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 obtenidos por mezcla de genes. Los términos secuencia hibridante, variante de empalme, variante alélica y mezcla de genes son como se describe aquí.

Los ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 no necesitan ser ácido nucleicos de longitud completa, debido a que el desempeño de los métodos de la invención no confía en el uso de la secuencia de ácidos nucleicos de longitud completa. De acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta una parte de una cualquiera de la secuencia de ácidos nucleicos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 431, o una parte de un ácido nucleico que codifica

un ortólogo, parálogo o homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 41, cuya porción está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Se puede preparar una porción de un ácido nucleico, por ejemplo, al hacer una o más eliminaciones en el ácido nucleico. Las porciones se pueden utilizar en forma aislada o se pueden fusionar a otras secuencias codificantes (o no codificantes) con el fin de, por ejemplo, producir una proteína que combina diversas actividades. Cuando se fusiona a otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido luego de traducción puede ser más grande que aquel predicho para la porción de la proteína.

Las porciones útiles en los métodos de la invención, codifican un polipéptido similar a bHLH11 como se define aquí, y tienen sustancialmente la misma actividad biológica como la secuencia de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 41. Preferiblemente, la porción es una parte de una cualquiera de los ácidos nucleicos dados en la Tabla E1 del Ejemplo 431, o es una parte de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 41. Preferiblemente la porción es por lo menos 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 1600, 1700, 1800, 1900, 2000, 2100, 2200, 2300, 2400, 2500 nucleótidos consecutivos de longitud, los nucleótidos consecutivos son de una cualquiera de la secuencia de ácidos nucleicos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 41, o de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de una cualquiera de la secuencia de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 431. Más preferiblemente la porción es una parte del ácido nucleico de la SEQ ID NO: 244. Preferiblemente, la porción codifica un fragmento de una secuencia de aminoácidos que, cuando se utiliza en la construcción del árbol filogenético, tal como el descrito en la Figura 3, los grupos dentro del grupo de la proteína similar a bHLH11, a diferencia de con otras proteínas bHLH. De forma similar, la proteína similar a bHLH11 de elección se agrupará dentro del subgrupo C cuando se construye un árbol de acuerdo con la Figura 6 en Li et al. (2006), a diferencia con cualquier otro grupo.

Otra variante de ácido nucleico útil en los métodos de la invención es un ácido nucleico capaz de hibridar, bajo condiciones de exigencia reducida, preferiblemente bajo condiciones exigentes, con un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define aquí, o con una porción como se define aquí.

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridar a una cualquiera de los ácidos nucleicos dados en la Tabla E1 del Ejemplo 1 o que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridar a un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo o homólogo de cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos dadas en la Tabla E1 del Ejemplo 1, cuyo ácido nucleico capaz de hibridar está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Las secuencias hibridantes útiles en los métodos de la invención codifican un polipéptido similar a bHLH11 como se define aquí, que tiene sustancialmente la misma actividad biológica que la secuencia de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 1. Preferiblemente, la secuencia hibridante es capaz de hibridar al complemento de uno cualquiera de los ácidos nucleicos dados en la Tabla E1 del Ejemplo 1, o a una porción de cualquiera de estas secuencias, una parte que es como se definió anteriormente, o la secuencia hibridada es capaz de hibridar al complemento de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 1. Más preferiblemente, la secuencia hibridante es capaz de hibridar al complemento de un ácido nucleico como se representa por la SEQ ID NO: 244 o con una parte de la misma.

Preferiblemente, la secuencia hibridante codifica un polipéptido con una secuencia de aminoácidos que, cuando es de longitud completa y se utiliza en la construcción del árbol filogenético, tal como el descrito en la Figure 3, se agrupa dentro del grupo de proteína similar a bHLH11, a diferencia de con otras proteínas bHLH. De forma similar, la proteína similar a bHLH11 de elección se agrupará dentro del subgrupo C cuando se construye un árbol de acuerdo con la Figura 6 en Li et al. (2006), a diferencia de con cualquier otro grupo.

Otra variante de ácido nucleico útil en los métodos de la invención es una variante de empalme que codifica un polipéptido similar a bHLH 11 como se definió aquí anteriormente, una variante de empalme es como se define aquí.

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de empalme de una cualquiera de la secuencia de ácidos nucleicos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 1 o una variante de empalme de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo o homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 1, cuya variante de empalme está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Las variantes de división preferidas son variantes de división de un ácido nucleico representadas por la SEQ ID NO: 244, o una variante de empalme de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de la SEQ ID NO: 245. Preferiblemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante de empalme, cuando se utiliza en la construcción de un árbol filogenético, tal como en descrito en la Figura 3, los grupos dentro del grupo de proteína

similar a bHLH11, a diferencia de con otras proteínas bHLH. De forma similar, la proteína similar a bHLH11 de elección se agrupará dentro del subgrupo C cuando se construye un árbol de acuerdo con la Figura 6 en Li et al. (2006), a diferencia de con cualquier otro grupo.

5 Otra variante de ácido nucleico útil en realizar los métodos de la invención es una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se definió aquí anteriormente, una variante alélica es como se define aquí.

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de uno cualquiera de los ácidos nucleicos dados en la Tabla E1 del Ejemplo 431, o que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo o homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos dadas en la Tabla E1 del Ejemplo 1, cuya variante alélica está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

10 Los polipéptidos codificados por variantes alélicas útiles en los métodos de la presente invención tienen sustancialmente la misma actividad biológica como el polipéptido similar a bHLH11 de la SEQ ID NO: 244 y cualquiera de los aminoácidos descritos en la Tabla E1 del Ejemplo 431. Las variantes alélicas existen en la naturaleza, y se abarcan dentro de los métodos de la presente invención es el uso de estos alelos naturales. Preferiblemente, la variante alélica es una variante alélica de la SEQ ID NO: 244 o una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de la SEQ ID NO: 245. Preferiblemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante alélica, cuando se utiliza en la construcción de un árbol filogenético, tal como el descrito en la Figura 3, los grupos dentro del grupo de la proteína similar a bHLH11, a diferencia de con otras proteínas bHLH. De forma similar, la proteína similar a bHLH11 de elección se agrupará dentro del subgrupo C cuando se construye un árbol de acuerdo con la Figura 6 en Li et al. (2006), a diferencia de con cualquier otro grupo.

15 La mezcla de genes o evolución dirigida también se puede utilizar para generar variantes de ácidos nucleicos que codifican el polipéptido similar a bHLH11s como se definió anteriormente; el término "mezcla de genes" es como se define aquí.

20 De acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de una cualquiera de la secuencia de ácidos nucleicos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 1, o que comprende introducir y expresar en una planta una variante de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo o homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos dada en la Tabla E1 del Ejemplo 1 cuya variante de ácido nucleico se obtiene mediante mezcla de genes, y cuya variante de ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

25 La secuencia de aminoácidos codificada por la variante de ácido nucleico obtenido por mezcla de genes, cuando se utiliza en la construcción de un árbol filogenético, tal como el descrito en la Figura 3, los grupos dentro del grupo de proteína similar a bHLH11s, a diferencia de con otras proteínas bHLH. De forma similar, la proteína similar a bHLH11 de elección se agrupará dentro del subgrupo C cuando se construye un árbol de acuerdo con la Figura 6 en Li et al. (2006), a diferencia de con cualquier otro grupo.

30 Adicionalmente, las variantes de ácido nucleico también se pueden obtener mediante mutagenia dirigida a sitio. Están disponibles diversos métodos para lograr mutagenia dirigida a sitio, el más común es métodos con base en PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

35 40 Los ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 se pueden derivar de cualquier fuente natural o artificial. El ácido nucleico se puede modificar de su forma natural en composición y/o ambiente genómico a través de manipulación humana deliberada. Preferiblemente el polipéptido similar a bHLH11-que codifica un ácido nucleico es de una planta, preferiblemente adicionalmente de una planta monocotiledónea, más preferiblemente de la familia Poáceas, más preferiblemente el ácido nucleico es de *Triticum aestivum*.

45 45 El desempeño de los métodos de la invención da plantas que tienen producción de semilla aumentada con relación a plantas de control. Los términos "producción" y "la producción de semilla" se describen en más detalle en la sección de "definiciones" aquí.

50 En una realización particular, las partes cosechables de una planta son semillas, y el desempeño de los métodos de la invención resulta en plantas que tienen producción de semilla aumentada con relación a la producción de semilla de plantas de control.

Tomando el maíz como un ejemplo, se puede manifestar un aumento en la producción como uno o más de los siguientes: aumento en el número de plantas establecido por metro cuadrado, un aumento en el número de espigas por planta, un aumento en el número de filas, número de granos por fila, peso de grano, peso de grano en miles,

longitud/diámetro de espiga, aumento en el índice de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas y multiplicado por 100), entre otros. Tomando arroz como un ejemplo, se puede manifestar una aumento en la producción propiamente dicha como un aumento en uno o más de los siguientes: número de plantas por metro cuadrado, número de panículas por planta, número de espigas por panícula, número de flores (floretones) por panícula (que se expresa como una relación del número de semillas llenas sobre el número de panículas primarias), aumento en el índice de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas y multiplicado por 100), aumento en peso de grano en miles, entre otros.

5 La presente invención proporciona un método para aumentar la producción de semilla de plantas, con relación a plantas de control, cuyo método comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define aquí, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

10 Debido a que las plantas transgénicas de acuerdo con la presente invención tienen producción de semilla aumentada, es probable que estas plantas exhiben un índice de crecimiento aumentado (durante por lo menos parte 15 de su ciclo de vida), con relación al índice de crecimiento de plantas de control en una etapa correspondiente en su ciclo de vida.

15 El aumento del índice de crecimiento puede ser específico a una o más partes de una planta (que incluye semillas), o puede ser sustancialmente a través de toda la planta. Las plantas que tiene un índice de crecimiento aumentado que puede tener un ciclo de vida más corto. El ciclo de vida de una planta puede significar el tiempo necesario para 20 crecer de una semilla madura seca hasta que la etapa en donde la planta ha producido semillas maduras secas, similar al material de partida. Este ciclo de vida puede estar influenciado por factores tal como vigor temprano, índice de crecimiento, índice de verdon, tiempo de florecimiento y velocidad de maduración de semilla. El aumento en índice de crecimiento puede tener lugar una o más etapas en el ciclo de vida de una planta o durante 25 sustancialmente el ciclo de vida de planta completa. El índice de crecimiento aumentado durante las etapas tempranas en el ciclo de vida de una planta puede reflejar vigor mejorado. El aumento en el índice de crecimiento puede alterar el ciclo de cosecha de una planta permitiendo que las plantas sean sembradas más tarde y/o cosechadas más pronto de lo que sería de otra forma posible (un efecto similar se puede obtener con tiempo de florecimiento más temprano). Si el índice de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra 30 adicional de semillas de las mismas especies de planta (por ejemplo siembra y cosecha de arroz plantas seguido por siembra y cosecha de plantas de arroz adicionales todas dentro de un periodo convencional). De forma similar, si el índice de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir siembra adicional de semillas de diferentes 35 especies de plantas (por ejemplo la siembra y cosecha de plantas de maíz seguido por, por ejemplo, la siembra y cosecha opcional de plantas de soja, papa o cualquier otra planta adecuada). Los tiempos adicionales de cosecha del mismo rizoma en el caso de algunas plantas de cultivo también puede ser posible. Alterar el ciclo de cosecha de una planta puede conducir a un aumento en producción de biomasa anual por metro cuadrado (debido a un aumento 40 en el número de tiempos (dicho en un año) que se puede cultivar y cosechar cualquier planta particular). Un aumento en el índice de crecimiento también puede permitir el cultivo de plantas transgénicas en un área geográfica más amplia que sus contrapartes tipo natural, debido a las limitaciones territoriales para cosechar un cultivo se determinan frecuentemente mediante condiciones ambientales adversas al momento de plantar (estación temprana) o al momento de cosechar (última estación). Se pueden evitar dichas condiciones adversas si se acorta el ciclo de cosecha. El índice de crecimiento se puede determinar al derivar diversos parámetros desde las curvas de crecimiento, dichos parámetros pueden ser: T-Mid (el tiempo para plantas para lograr 50 % de su tamaño máximo) y T-90 (tiempo tomado para plantas para alcanzar 90 % de su tamaño máximo), entre otros.

45 También se describe aquí un método para aumentar el índice de crecimiento de las plantas, cuyo método comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define aquí, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Ocurre un aumento en la producción de semilla y/o índice de crecimiento si la planta está bajo condiciones de cero 50 estrés o si la planta se expone a diversos tipos de estrés en comparación con las plantas de control. Las plantas responden normalmente a exposición al estrés mediante crecimiento más lento. En condiciones de estrés severo, la planta incluso puede detener el crecimiento completamente. El estrés leve por otra parte se define aquí como cualquier estrés al que se expone una planta que no resulta en el cese de la planta de que crezca completamente sin la capacidad de reasumir el crecimiento. El estrés leve en el sentido de la invención conduce a una reducción en el crecimiento de las plantas estresadas de menos de 40 %, 35 % o 30 %, preferiblemente menos de 25 %, 20% o 15 %, más preferiblemente menos de 14 %, 13 %, 12 %, 11 % o 10% o menos en comparación con la planta de control bajo condiciones de cero estrés. Debido a los avances en las prácticas agrícolas (irrigación, fertilización, tratamientos con pesticida) las formas de estrés severas no se encuentran frecuentemente en plantas cultivadas. Como una consecuencia, el crecimiento comprometido inducido por estrés leve es frecuentemente una característica indeseable para la agricultura. El estrés leve son las formas diarias de estrés bióticas y/o abioticas (ambiental) a las 55 que está expuesta una planta. El estrés abiótico se puede deber a sequía o exceso de agua, estrés anaeróbico, estrés por sal, toxicidad química, estrés oxidativo y temperaturas calientes, frías o congelantes. El estrés abiótico 60

puede ser un estrés osmótico provocado por estrés al agua (particularmente debido a sequía), estrés por sal, estrés oxidativo o un estrés iónico. El estrés biótico es normalmente aquel estrés provocado por patógenos, tal como bacteria, virus, hongos, nemátodos e insectos.

En particular, los métodos de la presente invención se pueden realizar bajo condiciones de cero estrés o bajo condiciones de sequía leve para dar plantas que tienen producción de semilla aumentada con relación a plantas de control. Como se reporta en Wang et al. (Plant (2003) 218: 1-14), el estrés abiótico conduce a una serie de cambios morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares que afectan adversamente el crecimiento de la planta y la productividad. Se sabe que la sequía, salinidad, temperaturas extremas y estrés oxidativo se interconectan y pueden inducir el crecimiento y daño celular a través de mecanismos similares. Rabbani et al. (Plant Physiol (2003) 133:

1755-1767) describe un grado particularmente alto de "cruce" entre estrés por sequía y estrés de alta salinidad. Por ejemplo, la sequía y/o salinización se manifiestan principalmente como estrés osmótico, que resulta en la interrupción de homeostasis y distribución de iones en la célula. El estrés oxidativo, que frecuentemente acompaña alta o baja temperatura, estrés por salinidad o sequía, puede provocar desnaturalización de las proteínas estructurales y funcionales. Como una consecuencia, este estrés ambiental diverso frecuentemente activa las rutas de señalización celular similares y respuestas celulares, tal como la producción de proteínas de estrés, regulación por aumento de los anti-oxidantes, acumulación de solutos compatibles y disminuye el crecimiento. El término condiciones de "no estrés" como se utiliza aquí son aquellas condiciones ambientales que permite el crecimiento óptimo de las plantas. Las personas expertas en la técnica son conscientes de condiciones normales del suelo y condiciones climáticas para una ubicación dada. Las plantas con condiciones de crecimiento óptimo, (el crecimiento bajo condiciones de cero estrés) normalmente aumentan la producción en orden de preferencia por lo menos 90 %, 87 %, 85 %, 83 %, 80 %, 77 % o 75 % de la producción promedio de dicha planta en un ambiente dado. Se puede calcular la producción promedio sobre base de cosecha y/o estación. Los expertos en la técnica son conscientes de producciones de rendimiento promedio de un cultivo.

El desempeño de los métodos de la invención da plantas que se cultivan bajo condiciones de cero estrés o bajo condiciones de sequía leve de producción de semilla aumentada con relación al cultivo de plantas de control bajo condiciones comparables. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un método para aumentar la producción de semilla en plantas que se cultivan bajo condiciones de cero estrés o bajo condiciones de sequía leve, cuyo método comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

El desempeño de los métodos de la invención da plantas que se cultivan bajo condiciones de deficiencia de nutrientes, particularmente bajo condiciones de deficiencia de nitrógeno, producción aumentada con relación a plantas de control que se cultivan bajo condiciones comparables. Por lo tanto, se describe aquí un método para aumentar la producción de semilla en plantas que se cultivan bajo condiciones de deficiencia de nutrientes, cuyo método comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media, dado que la deficiencia de nutrientes no es una deficiencia de fosfato. La deficiencia de nutrientes puede resultar de una carencia de nutrientes tal como nitrógeno, fosfatos y otros compuestos que contienen fósforo, potasio, calcio, cadmio, magnesio, manganeso, hierro y boro, entre otros. Sin embargo, el término "deficiencia de nutrientes" como se utiliza en el contexto de la presente invención no abarca una deficiencia en fosfato.

La presente invención abarca plantas o partes de las mismas (que incluyen semillas) que se pueden obtener mediante los métodos de acuerdo con la presente invención. Las plantas o partes de las mismas comprenden un transgen de ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se definió anteriormente, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

La invención también proporciona construcciones genéticas y vectores para facilitar la introducción y/o la expresión en plantas de ácido nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11. Las construcciones de gen se pueden insertar dentro de los vectores, que pueden estar comercialmente disponibles, adecuadas para transformación dentro de las plantas y adecuadas para la expresión del gen de interés en las células transformadas. La invención también proporciona el uso de una construcción de gen como se define aquí en los métodos de la invención.

Más específicamente, la presente invención proporciona una construcción que comprende:

(a) un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se definió anteriormente;

(b) una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (a), en donde la una o más secuencias de control comprenden un promotor constitutivo de fuerza media; y opcionalmente

(c) una secuencia de terminación de transcripción.

Preferiblemente, el ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 es como se definió anteriormente. El término "secuencia de control" y "secuencia de terminación" son como se define aquí.

Las plantas se transforman con un vector que comprende cualquiera de los ácidos nucleicos descritos anteriormente. El experto es consciente de los elementos genéticos que pueden estar presentes en el vector con el fin de transformar exitosamente, seleccionar y propagar las células anfitrionas que contiene la secuencia de interés. La secuencia de interés se liga operablemente a una o más secuencias de control (por lo menos a un promotor constitutivo de fuerza media).

El promotor constitutivo de fuerza media puede ser cualquier tipo de promotor, si es natural o sintético, se puede utilizar para dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos, pero preferiblemente el promotor es de origen de planta. Un promotor constitutivo es particularmente útil en los métodos. Preferiblemente el promotor constitutivo también es un promotor ubicuo de resistencia media. Ver la sección de "Definiciones" aquí para las definiciones de los diversos tipos de promotor.

Debe ser claro que la aplicabilidad de la presente invención no está restringida al polipéptido similar al ácido nucleico que codifica bHLH11 representado por la SEQ ID NO: 1, un es la aplicabilidad de la invención restringida a la expresión de un polipéptido similar al ácido nucleico que codifica bHLH11 cuando se dirige por un promotor constitutivo GOS2.

El promotor constitutivo es preferiblemente un promotor de resistencia media, tal como un promotor GOS2, preferiblemente el promotor es un promotor GOS2 de arroz. Adicionalmente preferiblemente el promotor constitutivo se representa mediante un secuencia de ácidos nucleicos sustancialmente similar a la SEQ ID NO: 256, más preferiblemente el promotor constitutivo es como se representa por la SEQ ID NO: 256. Ver la sección de "Definiciones" aquí para ejemplos adicionales de los promotores constitutivos.

Opcionalmente, se pueden utilizar una o más secuencias terminadoras en la construcción introducida dentro de una planta. Preferiblemente, la construcción comprende un casete de expresión que comprende el promotor GOS2 sustancialmente similar a la SEQ ID NO: 256 y el ácido nucleico que codifica el polipéptido similar a bHLH11.

Los elementos reguladores adicionales pueden incluir mejoradores transcripcionales así como también traduccionales. Aquellos expertos en la técnica serán conscientes de secuencias terminadoras y mejoradoras que pueden ser adecuadas para uso en el desempeño de la invención. Una secuencia de intrones también se puede agregar la región no traducida 5' (UTR) o en la secuencia codificante para aumentar la cantidad de mensaje maduro que se acumula en el citosol, como se describe en la sección de definiciones. Otras secuencias de control (además del promotor, mejorador, inactivador, secuencias de intrón, regiones 3'UTR y/o 5'UTR) pueden ser elementos de estabilización de ARN y/o proteína. Dichas secuencias se conocerían o se pueden obtener fácilmente por una persona experta en la técnica.

Las construcciones genéticas de la invención pueden incluir adicionalmente un origen de la secuencia de replicación que se requiere para el mantenimiento y/o replicación en un tipo celular específico. Un ejemplo es cuando se requiere que una construcción genética se mantenga en una célula bacteriana como un elemento genético episómico (por ejemplo molécula de plásmido o cósmido). Los orígenes preferidos de replicación incluyen, pero no se limitan a, el f1-ori y colE1.

Para la detección de la transferencia exitosa de la secuencia de ácidos nucleicos como se utiliza en los métodos de la invención y/o selección de plantas transgénicas que comprenden estos ácidos nucleicos, es ventajoso utilizar genes marcadores (o genes indicadores). Por lo tanto, la construcción genética puede comprender opcionalmente un gen marcador seleccionable. Se describen marcadores seleccionables en más detalle en la sección de "definiciones" aquí. Los genes marcadores se pueden retirar o quitar de la célula transgénica una vez ya no se necesiten. Se conocen en el arte técnicas para el retiro del marcador, las técnicas útiles se describieron anteriormente en la sección de definiciones.

La invención también proporciona un método para la producción de plantas transgénicas que tienen producción de semilla aumentada con relación a plantas de control, que comprende introducción y la expresión en una planta de cualquier ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se definió aquí anteriormente, cuyo ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media.

Más específicamente, la presente invención proporciona un método para la producción de plantas transgénicas que tienen producción de semilla aumentada, cuyo método comprende:

(i) introducir y expresar en una planta o célula de planta un polipéptido similar a ácido nucleico que codifica bHLH11, en donde dicho ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media; y

(ii) cultivar la célula de planta bajo condiciones que promueven el crecimiento de la planta y desarrollo.

El ácido nucleico de (i) puede ser cualquiera de los ácidos nucleicos capaces de codificar un polipéptido similar a bHLH 11 como se define aquí.

El ácido nucleico se puede introducir directamente dentro de una célula de planta o en la planta propiamente dicha (que incluye introducción dentro de un tejido, órgano o cualquier otra parte de una planta). De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, el ácido nucleico se introduce preferiblemente dentro de una planta mediante transformación. El término "transformación" se describe en más detalle en la sección de "definiciones" aquí.

Las células de planta modificadas genéticamente se pueden regenerar por medio de todos los métodos con los cuales el trabajador experto está familiarizado. Se pueden encontrar métodos adecuados en las publicaciones mencionadas anteriormente por S.D. Kung y R. Wu, Potrykus o Höfgen and Willmitzer.

De manera general después de transformación, las células de planta o grupos de células se seleccionan para la presencia de uno o más marcadores que se codifican por genes expresables de planta que se co-transfieren con el gen de interés, luego de lo cual el material transformado se regenera en una planta completa. Para seleccionar las plantas transformadas, el material de planta obtenido en la transformación, como una regla, se somete a condiciones selectivas de tal manera que las plantas transformadas se pueden distinguir de plantas no transformadas. Por ejemplo, las semillas obtenidas de la forma descrita anteriormente que se pueden plantar y, después de un periodo de cultivo inicial, se someten a selección adecuada mediante rociado. Una posibilidad adicional consiste en cultivar las semillas, si es apropiado después de esterilización, sobre placas agar utilizando un agente de selección adecuado de tal manera que solo las semillas transformadas pueden crecer en las plantas. Alternativamente, las plantas transformadas se detectan para la presencia de un marcador seleccionable tal como aquellas descritas anteriormente.

Luego de la regeneración y transferencia de ADN, también se pueden evaluar las plantas transformadas putativamente, utilizando por ejemplo análisis Southern, para la presencia del gen de interés, número de copia y/o organización genómica. Alternativamente o adicionalmente, los niveles de expresión del ADN nuevamente introducido se puede supervisar utilizando análisis Northern y/o Western, ambas técnicas se conocen bien por las personas medianamente expertas en la técnica.

Las plantas transformadas generadas se pueden propagar mediante una variedad de medios, tal como mediante propagación clónica o técnicas de siembra clásica. Por ejemplo, una primera generación (o T1) de plantas transformadas puede ser la segunda generación de transformantes homozigotos y auto-transformantes (o T2) seleccionados, y las plantas T2 luego se pueden propagar adicionalmente a través de técnicas de siembra clásicas. Los organismos transformados generados pueden tomar una variedad de formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y no transformadas; transformantes clónicos (por ejemplo, todas las células transformadas por contener el casete de expresión); injertos de tejidos transformados o no transformados (por ejemplo, en plantas, un rizoma transformado injertado en un vástago sin transformar).

La presente invención se extiende claramente a cualquier célula de planta o planta producida por cualquiera de los métodos descritos aquí, y a todas las partes de planta y propágulos de la misma. La presente invención se extiende adicionalmente para abarcar la progenie de una célula transformada o transfectada principal, tejido, órgano o planta completa que se ha producido por cualquiera de los métodos mencionados anteriormente, el único requerimiento es que la progenie exhibe las mismas características genotípicas y/o fenotípicas como aquellas producidas por el progenitor en los métodos de acuerdo con la invención.

La invención también incluye células anfitrionas que contienen un ácido nucleico aislado que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se definió aquí anteriormente. Las células anfitrionas preferidas de acuerdo con la invención son células de plantas. Las plantas anfitrionas para los ácidos nucleicos o el vector utilizado en el método de acuerdo con la invención, el casete de expresión o construcción o vector son, en principio, ventajosas para todas las plantas, que son capaces de sintetizar los polipéptidos utilizados en el método de la invención.

Los métodos de la invención son ventajosamente aplicables a cualquier planta. Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia Viridiplantae, en particular plantas monocotiledóneas y plantas dicotiledóneas que incluyen forraje o legumbres forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimenticios, árboles o arbustos. De acuerdo con una realización preferida de la presente invención, la planta es una planta de cultivo. Ejemplos de plantas de cultivos incluyen soja, girasol, canola, alfalfa, colza, lino, algodón, tomate, popa y tabaco. Adicionalmente preferiblemente, la planta es una planta monocotiledónea. Ejemplos de plantas monocotiledóneas incluyen caña de azúcar. Más preferiblemente la planta es un cereal. Ejemplos de cereales incluyen arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, triticale, sorgo, escanda, espelta, secale, escaña, teff, sorgo y avena.

La invención también se extiende a partes cosechables de una planta tal como, pero no limitado a semillas, hojas, frutos, flores, tallos, raíces, rizomas, tubérculos y bulbos, cuyas partes cosechables comprenden un ácido nucleico recombinante que codifica un polipéptido similar a bHLH11. La invención adicionalmente se relaciona con productos derivados, preferiblemente directamente derivados, de una parte cosechable de dicha planta, tal como glóbulos o polvos secos, aceite, grasa y ácidos grasos, almidones o proteínas.

5 De acuerdo con los métodos de la invención, la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 es expresión aumentada. Los métodos para aumentar la expresión de ácido nucleicos o genes, o productos de gen, están bien documentados en la técnica y se proporcionan ejemplos en la sección de definiciones.

10 Como se mencionó anteriormente, un método preferido para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 es al introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11; sin embargo los efectos de desarrollar el método, es decir aumentar la producción de semilla también se pueden lograr utilizando otras técnicas bien conocidas, que incluyen pero no se limitan a etiquetar la activación de T-ADN, TILLING, recombinación homóloga. Se proporciona una descripción de estas técnicas en la sección de definiciones.

15 La presente invención también abarca el uso de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 como se describe aquí y el uso de estos polipéptidos similares a bHLH11 en aumentar la producción de semilla en las plantas.

20 Los ácidos nucleicos que codifican el polipéptido similar a bHLH11 descritos aquí, o los polipéptidos similares a bHLH11 propiamente dichos, pueden encontrar uso en programas de siembra en los que identifica un marcador de ADN que se puede ligar genéticamente a un polipéptido similar al gen que codifica bHLH11. Los ácidos nucleicos/genes, o los polipéptidos similares a bHLH11 propiamente dichos se pueden utilizar para definir un marcador molecular. Este marcador de proteína o ADN luego se puede utilizar en programas de siembra para seleccionar plantas que tienen producción de semilla aumentada como se definió aquí anteriormente en los métodos de la invención.

25 Las variantes alélicas de un polipéptido similar al ácido nucleico/gen que codifica bHLH11 también puede encontrar uso en programas de siembra asistidas por marcador. Dichos programas de siembra algunas veces requieren la introducción de variación alélica mediante tratamiento mutagénico de las plantas, utilizando por ejemplo mutagenia EMS; alternativamente, el programa puede iniciar con la colección de las variantes alélicas de así llamado origen "natural" provocadas no intencionalmente. La identificación de las variantes alélicas luego tiene lugar, por ejemplo, mediante PCR. Esto se sigue por una etapa para la selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que dan producción aumentada. La selección se lleva a cabo normalmente al supervisar el desempeño de crecimiento de plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión. El desempeño de crecimiento se puede supervisar en un invernadero o en el campo. Las etapas opcionales adicionales incluyen plantas cruzadas en las que se identifica la variante alélica superior con otra planta. Esto se puede utilizar, por ejemplo, para hacer una combinación de las características fenotípicas de interés.

30 Los ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos similares a bHLH11 también se pueden utilizar como sondas para mapear genéticamente y físicamente los genes que son una parte de, y como marcadores para rasgos vinculados con aquellos genes. Dicha información puede ser útil en la siembra de plantas con el fin de desarrollar estípites con fenotipos deseados. Dicho uso de polipéptido similar a los ácidos nucleicos que codifican bHLH11 requiere solo una secuencia de ácidos nucleicos de por lo menos 15 nucleótidos de longitud. El polipéptido similar a los ácidos nucleicos que codifican bHLH11 se puede utilizar como marcadores de polimorfismo de longitud del fragmento de restricción (RFLP). Los southern blot (Sambrook J, Fritsch EF y Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) del ADN genómico de planta digerido de restricción se puede sondear con los ácidos nucleicos que codifican bHLH11. Luego se pueden someter los patrones de banda resultantes a análisis genéticos utilizando 35 programas de ordenador tal como MapMaker (Lander et al. (1987) Genomics 1: 174-181) con el fin de construir un mapa genético. Adicionalmente, los ácidos nucleicos se puede utilizar para sondear los ADN genómicos tratados con endonucleasa de restricción que contienen Southern blot de un conjunto de individuos que representan el progenitor y progenie de un cruce genético definido. La segregación de los polimorfismos de ADN se anota y se utiliza para calcular la posición del polipéptido similar al ácido nucleico que codifica bHLH11 en el mapa genético previamente obtenido utilizando esta población (Botstein et al. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

40 La producción y uso de sondas derivadas de gen de planta para uso en mapeo genético se describen en Bematzky and Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicaciones describen mapeo genético de clones de cADN específicos utilizando la metodología destacada anteriormente o variaciones de la misma. Por ejemplo, las poblaciones intercruce F2, poblaciones de retrocruzamiento, poblaciones apareadas aleatoriamente, estípites isogénicas cercadas, y otros conjuntos de individuos se pueden utilizar para mapeo. Dichas metodologías 45 se conocen bien por aquellos expertos en la técnica.

También se pueden utilizar sondas de ácido nucleico para mapeo físico (es decir, reemplazo de secuencia en mapas físicos; ver Hoheisel et al. In: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319-346, y referencias citadas allí).

En otra realización, las sondas de ácido nucleico se pueden utilizar en mapeo de hibridación de fluorescencia directa *in situ* (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Aunque los métodos actuales de mapeo FISH favorecen el uso de clones grandes (varios kb a varios cientos de kb; ver Laan et al. (1995) Genome Res. 5:13-20), los mejoradores en la sensibilidad pueden permitir el desempeño del mapeo FISH utilizando sondas más cortas.

Se puede llevar a cabo una variedad de métodos con base en amplificación de ácido nucleico para mapeo genético y físico utilizando los ácido nucleicos. Ejemplos incluyen amplificación específica de alelo (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11:95-96), polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield et al. (1993) Genomics 16:325-332), ligación específica de alelo (Landegren et al. (1988) Science 241:1077-1080), reacciones de extensión de nucleótido (Sokolov (1990) Nucleic acid Res. 18:3671), Radiation Hybrid Mapping (Walter et al. (1997) Nat. Genet. 7:22-28) y Happy Mapping (Dear and Cook (1989) Nucleic acid Res. 17:6795-6807). Para estos métodos, la secuencia de un ácido nucleico se utiliza para diseñar y producir pares de cebador para uso en la reacción de amplificación o en las reacciones de extensión de cebador. El diseño de dichos cebadores es bien conocido por aquellos expertos en la técnica. En los métodos que emplean mapeo genético basado en PCR, puede ser necesario identificar las diferencias de secuencia de ADN entre los progenitores del cruce de mapeo en la región que corresponde a la secuencia de ácidos nucleicos actual. Esto, sin embargo, de manera general no es necesario para métodos de mapeo.

Los métodos de acuerdo con la presente invención resultan en plantas que tienen producción de semilla aumentada, como se describió aquí anteriormente. Estos rasgos también se pueden combinar con otros rasgos económicamente ventajosos, tal como rasgos adicionales que mejoran la producción, tolerancia a otro estrés abiótico y biótico, los rasgos que modifican diversas características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

La Figura 1 representa la estructura de dominio de la SEQ ID NO: 245 con los motivos conservados indicados por subrayado y su número. El dominio HLH (motivo 8) como se determina por SMART se muestra en negrita subrayado.

La Figura 2 representa una alineación múltiple de diversas proteínas similares a bHLH11. Un punto indica residuos conservados, una coma indica los residuos altamente conservados y un asterisco permanece para residuos perfectamente conservados. El grado mayor de conservación de secuencia se encuentra en la región del dominio bHLH. Se elimina la parte de terminal C de AT2G24260 que se extiende más allá de otras proteínas en la eliminación.

La Figura 3 es el cladograma circular de proteínas bHLH seleccionadas. Se utilizan la proteína similar a bHLH11 y una proteína de Arabidopsis representa cada una de las otras clases definidas por Heim 2003. La alineación se genera utilizando "CLUSTALX", y se calcula un árbol de unión al vecino. El cladograma circular se traza utilizando Dendroscopio (Huson et al. BMC Bioinformatics 2007). Los resultados bootstrap para 100 replicados se indica para algunos nudos principales; el valor bootstrap en cuadro muestra que el grupo de proteína similar a bHLH11 se delinea claramente de las otras proteínas bHLH. L

a Figura 4 representa el vector binario para expresión aumentada en *Oryza sativa* de un ácido nucleico que codifica bHLH11 bajo el control de un promotor GOS2 de arroz (pGOS2).

La Figura 5 detalla ejemplos de secuencias similares a bHLH11 utilizar en realizar los métodos de acuerdo con la presente invención.

Ejemplos

La presente invención ahora se describirá con referencia a los siguientes ejemplos, que son solo por vía de ilustración. Los siguientes ejemplos no pretenden definir completamente o de otra forma limitar el alcance de la invención.

Manipulación de ADN: a menos que se indique otra cosa, se realizan técnicas de ADN recombinante de acuerdo con los protocolos estándar descritos en Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3rd Edition Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York, o en Volúmenes 1 y 2 de Ausubel et al. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Standard materials and methods for plant molecular work are described in Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (UK) and Blackwell Scientific Publications (UK).

Ejemplo 1: Identificación de secuencias relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos similar a bHLH11 utilizadas en los métodos de la invención

Las secuencias (cADN de longitud completa, EST o genómicas) relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos utilizada en los métodos de la presente invención se identifican entre aquellas mantenidas en la base de datos de Nucleótidos Entrez en el Centro Nacional para la Información en Biotecnología (NCBI) utilizando las herramientas de búsqueda de secuencia de base de datos, tal como la Herramienta de Alineación Local Básica (BLAST) (Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410; y Altschul et al. (1997) Nucleic acid Res. 25:3389-3402). El programa se utiliza para encontrar regiones de similitud local entre las secuencias al comparar las secuencias de ácido nucleico o polipéptido con las bases de datos de secuencia y al calcular la significancia estadística de los emparejamientos. Por ejemplo, el polipéptido codificado por el ácido nucleico utilizado en la presente invención se utiliza para el algoritmo TBLASTN, con configuraciones predeterminadas y el filtro para ignorar las secuencias de baja complejidad desencadenadas. El rendimiento del análisis se ve mediante comparación en forma de pares, y se clasifica de acuerdo con el orden de probabilidad (valor E), en donde la clasificación refleja la probabilidad de que ocurre una alineación particular por cambio (el valor E menor, el acierto más significativo). Además de los valores E, las comparaciones también se clasifican mediante el porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad se refiere al número de nucleótidos idénticos (o aminoácidos) entre las dos secuencias de ácido nucleico comparadas (o polipéptido) sobre una longitud particular. En algunos casos, se pueden ajustar los parámetros predeterminados para modificar la exigencia de la búsqueda. Por ejemplo se puede aumentar el valor E por mostrar menos emparejamientos exigentes. En esta forma, se pueden identificar emparejamientos cortos casi exactos. La Tabla E1 proporciona una lista de secuencias de ácidos nucleicos relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos utilizada en los métodos de la presente invención.

Tabla E1: Ejemplos de los polipéptidos similares a bHLH11:

Fuente de Planta	Ácido nucleico SEQ ID NO:	Proteína SEQ ID NO:
<i>Triticum aestivum</i>	244	245
<i>Allium cepa</i>	258	327
<i>Arabidopsis thaliana</i>	259	328
<i>Arabidopsis thaliana</i>	260	329
<i>Arabidopsis thaliana</i>	261	330
<i>Arabidopsis thaliana</i>	262	331
<i>Arabidopsis thaliana</i>	263	332
<i>Aquilegia vulgaris</i>	264	333
<i>Aquilegia vulgaris</i>	265	334
<i>Brassica napus</i>	266	335
<i>Citrus clementina</i>	267	336
<i>Curcuma longa</i>	268	337
<i>Citrus paradisi hybrid</i>	269	338
<i>Citrus sinensis</i>	270	339
<i>Eucalyptus grandis</i>	271	340

(continuación)

Fuente de Planta	Ácido nucleico SEQ ID NO:	Proteína SEQ ID NO:
<i>Eucalyptus grandis</i>	272	341
<i>Gossypium hirsutum</i>	273	342
<i>Gossypium hirsutum</i>	274	343
<i>Gossypium hirsutum</i>	275	344
<i>Gossypium hirsutum</i>	276	345
<i>Gossypium hirsutum</i>	277	346
<i>Gossypium hirsutum</i>	278	347
<i>Glycine max</i>	279	348
<i>Glycine max</i>	280	349
<i>Glycine max</i>	281	350
<i>Glycine max</i>	282	351
<i>Gossypium raimondii</i>	283	352
<i>Helianthus petiolaris</i>	284	353
<i>Hordeum vulgare</i>	285	354
<i>Lactuca perennis</i>	286	355
<i>Nicotiana benthamiana</i>	287	356
<i>Nicotiana benthamiana</i>	288	357
<i>Nicotiana benthamiana</i>	289	358
<i>Nicotiana benthamiana</i>	290	359
<i>Nicotiana tabacum</i>	291	360
<i>Oryza sativa</i>	292	361
<i>Oryza sativa</i>	293	362
<i>Oryza sativa</i>	294	363
<i>Oryza sativa</i>	295	364
<i>Oryza sativa</i>	296	365

(continuación)

Fuente de Planta	Ácido nucleico SEQ ID NO:	Proteína SEQ ID NO:
<i>Oryza sativa</i>	297	366
<i>Oryza sativa</i>	298	367
<i>Picea abies</i>	299	368
<i>Populus deltoides</i>	300	369
<i>Pinus radiata</i>	301	370
<i>Picea sitchensis</i>	302	371
<i>Pinus taeda</i>	303	372
<i>Populus trichocarpa</i>	304	373
<i>Populus trichocarpa</i>	305	374
<i>Populus trichocarpa</i>	306	375
<i>Populus trichocarpa</i>	307	376
<i>Populus trichocarpa</i>	308	377
<i>Poncirus trifoliata</i>	309	378
<i>Ricinus communis</i>	310	379
<i>Ricinus communis</i>	311	380
<i>Sorghum bicolor</i>	312	381
<i>Solanum lycopersicum</i>	313	382
<i>Solanum lycopersicum</i>	314	383
<i>Solanum lycopersicum</i>	315	384
<i>Solanum tuberosum</i>	316	385
<i>Solanum tuberosum</i>	317	386
<i>Solanum tuberosum</i>	318	387
<i>Solanum tuberosum</i>	319	388
<i>Triticum aestivum</i>	320	389
<i>Vitis vinifera</i>	321	390

(continuación)

Fuente de Planta	Ácido nucleico SEQ ID NO:	Proteína SEQ ID NO:
<i>Vitis vinifera</i>	322	391
<i>Vitis vinifera</i>	323	392
<i>Vitis vinifera</i>	324	393
<i>Zea mays</i>	325	394
<i>Zea mays</i>	326	395

- En algunos casos, las secuencias relacionadas se han ensamblado tentativamente y descrito públicamente por instituciones de investigación, tal como El Instituto para Investigación Genómica (TIGR). Se puede utilizar la base de datos de Ortólogos de Gen Eucariótico (EGO) para identificar dichas secuencias relacionadas, mediante búsqueda de palabra clave o al utilizar el algoritmo BLAST con la secuencia de ácidos nucleicos o polipéptidos de interés.

Ejemplo 2: Alineación de polipéptido similar a las secuencias bHLH11

- Se realiza alineación de las secuencias de polipéptido utilizando el programa AlignX del Vector NTI (Invitrogen) que se basa en el algoritmo popular Clustal W de alineación progresiva (Thompson et al. (1997) Nucleic acids Res 25:4876-4882; Chenna et al. (2003). Nucleic acids Res 31:3497-3500). Los valores predeterminados son para la penalidad de espacio abierto de 10, para la penalidad de extensión de espacio de 0,1 y la matriz ponderada seleccionada es Blosum 62 (si se alinean los polipéptidos). Se hace edición manual menor para optimizar adicionalmente la alineación. La conservación secuencia entre los polipéptidos similares a bHLH11 está esencialmente en el dominio bHLH de terminal C de los polipéptidos, el dominio de terminal N es usualmente más variable en longitud de secuencia y composición. Los polipéptidos similares a bHLH11 se alinean en la Figura 2.

Un árbol filogenético de los polipéptidos similares a bHLH11 (Figura 3) se construye utilizando "CLUSTALX", y se calcula árbol de unión al vecino. El cladograma circular se traza utilizando Dendroscopio (Huson et al., 2007).

Ejemplo 3: Cálculo del porcentaje de identidad global entre las secuencias de polipéptido útiles en el desarrollo de los métodos de la invención

- Se determinan los porcentajes globales de similitud e identidad entre las secuencias de polipéptido de longitud completa útiles en el desarrollo de los métodos de la invención utilizando uno de los métodos disponibles en la técnica, el software MatGAT (Herramienta de Alineación Global de Matriz) (BMC Bioinformatics. 2003 4:29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein o DNA secuences. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; software hosted by Ledion Bitincka). El software MatGAT genera matrices de similitud/identidad para el ADN o las secuencias de proteína sin necesitar pre-alineación de los datos. El programa realiza una serie de alineaciones en forma de par utilizando al algoritmo de alineación de Myers y Miller (con una penalidad de espacio abierto de 12, y una penalidad de extensión de espacio de 2), calcula similitud e identidad utilizando por ejemplo Blosum 62 (para los polipéptidos), y luego pone los resultados en una matriz de distancia. Se muestra similitud de secuencia en la mitad inferior de la línea que divide y se muestra la identidad de secuencia en la mitad superior de la línea que divide diagonal.

Los parámetros utilizados en la comparación son:

Matriz de clasificación:	Blosum62
Primer espacio:	12
Espacio que se extiende:	2

Los resultados de los análisis de software se muestran en la Tabla E2 para similitud e identidad global sobre la longitud completa de las secuencias de polipéptidos. El porcentaje de identidad se da sobre la diagonal y el porcentaje de similitud se da por debajo de la diagonal. La SEQ ID NO: 245 se representa como TabHLH11.

- 5 El porcentaje de identidad entre el polipéptido similar a las secuencias bHLH11 útiles en realizar los métodos de la invención puede ser tan bajo como 20 % de identidad de aminoácidos comparado con la SEQ ID NO: 245. La identidad sin embargo es mucho mayor cuando se comparan los dominios HLH (Tabla E3).

Tabla E2: MatGAT resulta de la similitud e identidad global sobre la longitud completa de las secuencias del polipéptido similar bHLH11

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1. TC3898	51.1	53.5	15.9	39.5	37.1	49.4	19.5	53.8	45.8	36.3	53.7	30.6	52.0	46.5	51.0	52.2	51.7	51.2	34.6	
2. AT1G30040	63.2	81.0	16.3	37.8	36.3	52.4	19.9	72.3	40.5	35.9	64.6	31.1	50.7	59.5	45.9	58.4	68.1	45.3	37.0	
3. AT4G02590	64.2	89.0	17.0	37.0	35.1	55.2	18.8	82.4	43.0	35.4	69.5	33.8	53.5	64.6	47.6	62.6	72.6	47.0	36.4	
4. AT2G24260	21.7	22.0	22.3	27.7	19.7	16.4	12.7	15.6	17.0	19.0	15.8	23.0	15.8	15.8	16.8	15.9	16.8	15.4	17.2	
5. AT4G30980	53.2	53.9	52.6	30.6	46.4	36.0	22.0	35.5	38.7	40.6	35.1	41.3	36.3	32.6	36.2	37.7	36.1	37.4	37.2	
6. AT5G56010	53.9	55.0	52.6	23.8	58.1	32.6	24.2	34.0	35.4	37.1	36.0	35.7	31.6	32.3	35.5	38.8	36.0	38.1	39.2	
7. TC15501	58.4	64.1	65.5	22.1	49.9	48.1	17.5	52.8	47.0	37.0	56.0	35.1	57.8	59.2	52.8	52.4	60.9	51.0	31.4	
8. TC19278	31.9	31.1	30.0	15.6	33.2	35.0	26.8	18.8	21.1	16.4	19.5	18.9	17.8	17.6	17.5	23.0	20.2	19.4	27.6	
9. TC10015_part	64.9	80.5	85.8	19.9	50.6	52.2	60.4	31.7	41.9	35.6	72.5	30.8	52.5	59.7	47.1	61.4	68.0	51.4	35.2	
10. DV288946	56.8	55.9	59.1	23.8	52.5	46.4	61.0	31.6	53.0	34.5	42.7	32.9	52.7	43.2	50.8	46.9	45.0	57.6	35.6	
11. TA2544	47.3	46.8	47.8	26.1	49.3	46.3	49.0	23.9	45.6	47.6	35.0	44.9	38.4	35.9	36.4	33.4	36.1	34.6	31.1	
12. TA3392	68.1	76.8	79.4	21.7	51.9	52.2	63.0	32.7	84.0	56.2	43.7	30.9	53.0	68.7	49.4	63.1	77.0	52.2	36.8	
13. TA12416	38.0	38.2	40.7	30.4	48.4	43.3	46.3	25.8	37.3	43.7	54.6	40.3	32.2	32.4	33.1	29.7	33.3	32.1	31.3	
14. WO051050seqID77	61.3	63.8	66.3	20.8	51.3	50.9	66.4	28.1	61.9	65.8	45.4	61.3	39.4	53.2	58.7	50.0	54.6	58.1	31.5	
15. WO051050seqID1671	56.9	70.5	74.9	22.3	46.5	47.1	70.9	27.5	68.5	59.0	47.3	75.4	42.0	64.5	46.8	58.7	71.0	44.8	33.5	
16. TA55042	62.5	59.5	62.8	22.4	51.7	52.0	65.8	27.8	58.0	67.0	48.8	58.9	42.4	69.2	62.7	48.1	48.6	58.1	33.8	
17. TC207545	60.7	66.6	68.1	20.1	51.0	51.5	57.0	38.5	71.6	53.9	42.9	74.7	36.7	56.9	64.5	56.8	64.7	56.0	37.4	
18. TA13791	63.7	80.5	82.6	22.1	52.6	54.8	68.1	31.7	78.2	59.4	48.3	83.5	43.1	65.0	78.0	63.1	71.6	50.6	35.4	
19. CO123623	61.4	57.3	58.7	19.3	49.7	53.9	58.1	32.8	62.6	64.3	42.9	65.1	38.2	65.6	55.2	65.6	64.9	61.7	36.8	
20. DT543504	52.0	55.2	54.8	22.3	51.3	52.6	47.3	37.9	49.7	50.4	42.7	55.2	39.7	51.9	51.4	50.5	52.6	54.9	50.0	
21. TC60118	63.4	80.2	82.3	22.0	52.3	54.5	67.8	31.7	77.9	59.1	48.0	83.2	42.9	64.7	77.7	62.8	71.3	99.7	60.7	55.2
22. TC60119	65.1	78.9	82.9	21.1	51.9	53.3	67.0	30.6	77.3	58.6	47.6	82.6	40.5	65.6	76.6	60.7	71.1	91.1	58.6	53.6
23. TC61833	63.6	78.4	81.9	21.9	54.2	55.4	66.1	30.2	77.0	56.8	47.6	82.3	40.7	65.0	76.9	62.5	71.1	90.8	56.4	54.9
24. TC61603	40.3	43.3	42.4	28.8	48.7	45.9	47.5	26.9	40.7	45.7	56.7	42.9	67.0	43.1	42.9	45.7	38.6	42.9	40.0	41.2
25. TC229602	56.8	60.3	61.0	18.9	45.8	49.2	50.7	45.2	63.3	49.9	38.0	65.1	33.5	52.5	57.5	52.3	81.1	65.3	61.9	46.1
26. TC205173	50.4	51.0	48.7	25.3	58.5	54.6	53.3	34.3	47.2	52.5	52.2	47.5	54.6	51.3	48.0	54.6	49.0	51.0	49.6	49.9
27. TA1140	63.4	64.1	64.5	21.5	55.2	53.9	64.7	31.0	62.7	55.1	45.1	63.1	42.2	65.3	60.1	64.0	61.1	66.0	62.4	53.9
28. TC140470	37.6	38.5	38.0	26.6	35.8	36.4	41.2	22.2	34.9	37.0	43.7	37.4	48.0	38.0	40.3	33.5	37.8	32.8	43.9	
29. TA3380_part	67.6	64.6	64.2	22.0	53.2	54.5	62.1	32.4	65.2	45.6	67.9	41.4	63.4	59.5	63.4	68.6	63.1	68.6	52.6	
30. CK299338	67.6	64.2	65.2	20.6	53.9	54.2	61.5	32.1	65.2	60.0	45.6	66.2	41.4	68.4	60.1	64.0	59.8	66.0	64.9	53.6
31. TC8833	64.6	78.8	79.0	22.5	53.9	56.3	68.1	31.8	74.5	56.5	45.1	75.5	41.8	65.3	71.1	62.5	69.9	80.9	59.3	54.9
32. TC7102	39.7	42.4	42.9	30.0	49.2	44.2	46.3	25.1	39.7	44.7	56.9	40.6	43.6	44.2	43.6	38.1	44.2	39.3	41.3	

33. TC7103	45.0	46.0	26.3	26.7	53.2	51.2	48.8	27.9	45.0	46.5	57.1	45.2	65.0	46.3	50.4	49.4	42.9	49.1	41.6	45.5
34. TC12771	66.1	64.9	65.5	21.2	54.8	54.4	61.5	30.9	64.4	59.7	45.6	65.1	40.9	67.2	59.8	64.0	59.7	66.0	65.8	54.9
35. Os03g58330	67.7	61.9	61.3	21.3	53.9	54.2	58.7	32.7	62.6	55.9	45.4	61.6	39.2	62.2	53.8	61.9	59.2	63.7	62.9	51.3
36. Os06g08500	43.6	43.6	45.0	23.6	45.0	48.2	47.7	28.6	42.0	43.3	51.5	44.1	46.5	44.1	45.2	46.6	40.3	43.3	39.0	43.3
37. Os06g09370	37.7	37.4	38.1	26.8	35.1	34.1	40.0	22.2	34.1	40.6	44.1	38.5	44.4	38.5	40.6	42.7	33.1	38.9	36.2	40.8
38. Os02g55250	40.6	42.0	41.5	28.5	43.5	44.4	45.1	25.2	39.2	46.0	55.8	40.8	56.3	44.0	41.7	46.3	38.1	41.5	39.0	43.5
39. Os02g35660	35.7	35.1	36.6	29.2	36.5	34.4	39.3	22.9	33.6	38.5	43.1	34.9	45.4	36.6	39.5	37.0	32.3	37.4	34.0	39.7
40. Os07g08440	70.3	60.3	65.5	20.8	52.3	56.9	58.4	33.8	63.8	57.1	44.6	63.8	38.8	62.5	57.8	61.9	58.4	63.7	65.9	51.0
41. Os09g25040	37.3	35.7	38.5	30.0	40.1	38.5	41.5	24.4	36.1	38.7	54.3	37.7	60.7	39.3	41.5	39.3	33.9	38.3	35.7	37.7
42. Pt_scaff_11416	62.7	79.5	81.9	22.4	53.5	53.7	66.7	31.3	78.7	58.3	47.3	84.3	42.0	65.6	78.3	62.2	73.3	89.4	61.0	55.2
43. Pt_scaff_7065	60.7	62.2	65.9	21.9	52.3	49.2	65.8	27.5	60.7	69.9	44.9	60.7	40.3	71.9	64.5	74.6	56.5	63.4	66.2	50.8
44. Pt_scaff_XIII403	59.9	62.0	62.3	21.2	50.6	49.7	66.1	28.1	58.7	67.0	45.4	59.0	42.2	69.2	65.9	73.1	55.4	64.4	64.7	49.7
45. Pt_scaff28_86	39.5	39.3	40.8	27.2	39.3	38.8	42.5	29.4	36.2	43.4	45.6	39.9	48.0	40.1	42.1	42.3	36.0	39.5	36.8	50.2
46. Pt_TC63334	65.0	79.8	81.6	22.1	54.8	52.3	68.7	31.3	78.7	58.0	47.6	84.3	42.6	65.0	77.2	62.5	73.7	89.1	62.0	53.6
47. TA14134	46.2	49.8	50.8	24.7	50.5	50.2	49.3	37.5	43.7	52.5	44.6	45.2	41.2	50.2	47.1	51.4	45.5	50.2	46.8	50.8
48. TA5414	38.0	38.5	41.2	30.1	48.5	42.7	45.9	25.9	37.8	42.9	55.8	41.2	98.9	41.2	42.1	42.7	37.0	42.9	39.1	39.7
49. TA3263	65.3	79.5	81.6	22.3	54.8	54.0	68.4	31.7	79.0	58.3	48.3	84.7	42.6	65.0	77.2	62.8	73.7	89.4	62.3	54.2
50. TA28225	65.2	80.1	83.9	22.0	53.2	54.2	66.7	32.1	80.3	55.9	47.3	86.0	41.6	66.6	79.5	63.7	74.6	90.4	60.9	55.9
51. TA1616	61.0	65.3	66.3	22.3	52.1	50.3	70.4	28.8	60.4	70.4	47.8	62.9	41.6	74.2	63.9	73.4	57.7	66.6	68.4	54.0
52. TA21665	66.2	65.2	63.9	21.3	52.3	53.2	60.4	31.1	63.5	58.3	44.4	67.6	42.9	64.4	59.5	61.0	60.1	66.0	62.5	52.3
53. TC172581	64.5	63.8	67.1	21.1	52.9	53.9	61.0	30.6	62.2	60.0	46.6	66.1	41.8	66.3	61.3	63.4	59.5	67.1	62.2	54.2
54. AK247217	64.6	80.5	80.3	22.9	52.3	52.0	70.1	31.5	75.2	56.2	45.1	78.1	42.0	67.8	72.5	64.4	70.5	82.8	60.6	52.6
55. TC104646	69.5	61.6	61.9	20.7	51.0	53.5	58.7	35.0	67.3	55.7	42.0	63.3	39.2	60.3	56.1	59.8	63.5	63.0	65.3	49.7
56. DV982110	59.3	55.6	53.5	22.6	55.8	57.9	51.0	38.0	55.8	51.3	44.9	61.6	41.6	53.4	49.1	51.7	56.9	58.1	62.0	56.2
57. W0051050seqID516	40.2	42.5	42.3	28.0	44.1	42.3	46.4	27.0	39.3	46.9	53.3	42.5	52.5	44.1	43.6	43.8	37.8	43.2	39.5	41.9
58. TC688930	48.3	49.2	49.5	25.9	49.5	53.5	47.0	38.4	45.6	51.3	47.3	47.4	42.0	50.5	46.2	52.0	48.3	50.2	45.0	50.5
59. TA30646	64.6	79.8	80.0	22.1	52.6	52.3	68.7	31.5	75.8	55.7	44.6	78.1	41.2	67.2	72.8	64.4	70.2	83.5	60.6	54.2
60. TA28621	65.8	64.1	67.1	21.3	53.2	52.3	61.5	30.3	62.8	60.9	46.8	67.1	41.6	65.6	61.8	64.4	59.5	68.1	63.5	54.2
61. TA34455	40.3	41.6	41.2	29.5	49.7	43.4	45.9	23.0	38.0	45.6	59.3	41.4	67.0	43.4	43.8	44.7	37.1	42.5	36.9	41.2
62. TA37666	45.5	46.6	48.7	27.4	53.9	48.2	51.8	28.3	43.7	50.3	60.7	47.1	63.1	48.4	48.4	49.0	42.1	49.0	45.3	44.5
63. TC25304	56.6	54.0	51.6	19.7	50.3	53.9	49.3	36.9	53.4	45.8	42.9	55.5	39.0	50.9	48.8	51.1	53.4	53.1	52.8	59.8
64. TabHLH11	71.2	60.9	61.0	19.9	50.6	56.6	57.0	34.2	66.2	55.9	42.7	66.2	38.8	59.7	55.8	60.1	61.9	62.7	66.9	50.3
65. TA46156	67.5	76.8	78.4	22.3	54.8	55.2	66.4	33.6	78.9	58.6	45.9	84.1	40.5	64.7	74.6	64.0	74.4	85.5	64.4	56.2
66. GSVIVT00017237001	43.5	42.1	43.1	29.4	48.1	45.2	47.4	27.5	40.4	47.8	59.1	40.4	69.5	44.0	45.5	45.7	40.9	45.9	39.7	43.8

67.TA46194	66.1	69.0	71.9	22.3	52.1	53.4	70.9	29.7	67.4	63.5	49.0	69.0	41.8	72.5	68.8	68.3	64.5	73.5	66.8	53.4
68.GSVIVT0016367001	35.7	37.7	36.5	24.5	38.1	36.9	41.6	24.1	34.4	41.9	44.5	35.5	46.2	37.7	40.8	38.6	32.8	37.1	34.6	45.4
69.TA139285	70.2	59.9	61.3	20.3	51.6	56.2	59.5	34.4	62.1	58.0	43.4	63.2	37.5	62.5	54.6	61.9	60.7	61.1	66.0	48.0
70.TA126400	69.5	61.9	62.6	20.9	54.5	52.5	57.3	34.0	66.7	56.8	44.9	65.3	41.4	61.6	56.1	61.0	62.5	63.0	63.2	50.0

	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
1.TC3698	51.4	53.4	51.7	31.6	48.5	38.8	52.7	25.4	54.5	53.0	53.0	32.7	36.2	53.3	56.0	31.1	26.5	32.4	26.5	56.9
2.AT1G03040	67.8	67.2	67.6	33.9	54.3	35.3	49.2	26.3	50.9	48.0	65.5	33.7	35.4	48.3	51.4	30.9	25.8	34.1	27.9	49.8
3.AT4G02590	72.3	73.6	73.3	32.8	57.1	37.7	50.3	27.5	52.6	49.5	67.5	34.3	35.4	50.8	52.7	32.8	27.8	33.6	28.7	51.2
4.AT2G24260	16.7	16.3	16.6	22.0	15.0	21.5	16.1	15.4	16.6	16.1	16.8	23.1	21.8	16.3	16.7	17.5	15.5	21.2	16.4	16.4
5.AT4G30980	36.1	35.9	36.2	40.8	34.8	44.8	36.2	26.7	36.5	36.1	35.4	41.8	44.3	35.6	39.8	33.9	25.5	36.2	28.6	37.6
6.AT5G58010	36.0	36.4	36.3	37.2	36.9	47.3	37.7	28.1	37.8	36.9	37.9	36.0	39.7	36.4	37.4	37.7	26.9	36.4	26.1	37.4
7.TC15501	60.7	59.0	58.0	36.2	47.9	37.1	54.0	30.8	53.8	53.8	58.7	38.2	37.6	53.0	52.5	32.7	29.4	35.0	30.7	52.0
8.TC19278	20.2	20.2	19.6	18.4	27.3	23.1	18.0	15.6	19.0	19.3	20.5	17.9	20.2	18.6	19.5	20.8	15.6	19.1	17.9	19.8
9.TC10015_part	67.6	69.0	68.9	31.7	55.3	38.5	51.3	25.5	53.4	50.0	64.1	32.8	35.7	50.6	51.8	32.9	26.0	32.9	26.7	52.8
10.DY268946	44.7	43.8	44.2	32.7	43.2	38.9	44.6	24.4	45.8	45.4	43.5	34.2	33.5	45.1	46.9	31.6	26.5	32.9	26.6	47.9
11.TA2544	36.1	35.7	36.5	41.8	29.6	41.3	35.3	30.2	35.4	33.8	35.1	45.9	42.6	35.0	35.1	39.3	31.1	42.5	32.1	35.3
12.TA3392	76.7	76.1	75.2	33.9	56.2	36.2	52.2	25.6	54.3	51.6	64.5	33.0	35.2	52.1	53.0	30.4	28.9	32.7	26.2	51.5
13.TA12416	33.3	33.3	34.1	56.2	27.5	48.0	33.7	30.2	33.3	31.2	32.6	56.3	55.6	31.8	32.2	36.9	28.7	45.2	30.6	31.4
14.W0051050seq D77	54.3	54.0	52.5	33.3	47.2	36.7	54.2	27.7	54.3	56.0	53.4	34.7	35.6	55.9	52.0	31.9	28.8	34.5	27.4	51.6
15.W0051050seq D1671	70.7	70.3	68.9	32.0	53.2	34.4	47.6	27.4	49.4	48.5	62.0	34.8	35.0	48.7	48.7	32.1	28.7	33.1	29.3	48.6
16.TA55042	48.4	47.8	49.9	32.6	46.4	37.7	50.1	29.4	53.1	50.9	49.4	35.2	36.8	50.3	51.3	33.9	32.2	36.3	27.3	51.0
17.TC207545	64.4	65.1	65.6	30.9	77.6	37.8	52.6	23.9	55.6	52.0	61.8	32.0	32.9	53.0	54.1	28.6	23.9	31.3	24.9	53.2
18.TA13791	99.7	87.2	84.9	33.7	59.7	39.4	54.0	26.2	56.7	53.3	69.0	35.6	38.5	53.3	54.6	33.2	27.1	33.8	28.2	51.7
19.CO123623	50.5	49.5	49.2	30.9	52.2	39.3	51.1	25.4	53.2	50.3	47.7	31.5	33.6	52.0	50.6	31.1	29.0	30.1	27.3	50.9
20.DT543504	35.7	34.8	36.1	34.0	34.0	36.3	34.2	31.0	36.1	37.1	35.7	31.9	33.4	38.1	34.5	31.8	28.8	32.3	30.8	32.5
21.TC60118	86.8	84.6	83.7	59.4	39.1	53.7	26.2	56.4	53.0	68.7	35.6	38.5	53.0	54.3	33.2	27.5	33.6	28.2	51.4	
22.TC60119	-	90.8	86.9	32.7	59.5	39.1	53.3	26.1	54.7	53.5	70.1	36.7	37.3	54.4	53.1	33.1	27.0	34.2	28.2	51.1
23.TC61833	90.5	92.5	33.5	59.3	37.7	52.6	26.5	55.9	53.3	71.1	36.4	36.8	53.9	51.1	34.5	25.4	34.7	27.4	52.0	
24.TC67603	42.6	42.2	42.2	28.5	47.1	35.0	27.3	34.9	33.2	49.6	52.5	33.7	34.3	35.6	28.3	40.6	30.7	32.6		
25.TC229602	65.0	64.5	63.9	35.8	38.2	47.7	22.5	50.5	50.7	58.2	29.0	32.3	50.0	50.8	28.2	21.3	28.4	22.7	49.3	
26.TC205173	50.7	51.9	51.6	56.4	45.7	39.2	25.3	37.8	37.4	39.8	47.3	53.1	38.0	38.7	40.3	26.6	41.2	27.9	38.6	
27.TA1140	65.7	66.0	65.4	45.2	54.2	52.2	27.1	84.2	66.0	51.2	35.8	67.0	52.5	33.3	27.2	31.8	28.2	52.1		
28.TC140470	37.6	37.4	37.8	42.8	29.7	36.4	38.0	29.1	26.1	27.9	28.7	27.7	27.0	26.6	24.4	71.1	28.1	35.1	26.1	

29. TA3490_part	68.3	66.4	66.6	44.7	57.2	49.6	87.3	37.4	68.0	53.2	34.4	36.5	68.5	54.0	32.7	28.3	33.3	27.6	53.7	
30. CK293938	65.7	66.8	65.6	42.2	57.4	49.6	78.1	36.2	79.4	51.5	34.2	37.5	96.3	53.8	32.4	28.0	33.9	27.5	53.5	
31. TC8633	80.5	81.6	82.3	44.3	63.2	51.3	67.3	38.5	68.9	67.5	36.0	34.9	52.5	53.8	33.0	29.2	33.6	26.9	52.6	
32. TC7102	44.0	44.0	45.1	62.1	34.8	55.5	44.7	43.0	42.7	44.0	44.7	64.6	34.5	35.9	37.5	28.8	47.3	32.6	34.1	
33. TC7103	48.8	49.1	48.3	65.8	40.1	62.5	48.8	41.0	47.5	47.0	46.5	72.9	38.2	37.8	41.1	28.9	46.2	29.6	38.3	
34. TC12771	65.7	65.8	64.6	43.1	55.7	50.7	78.1	37.4	78.5	98.0	67.5	44.5	48.1	54.6	32.2	28.6	34.9	26.9	54.7	
35. Os03958330	63.4	63.5	60.3	43.6	56.1	50.1	64.7	36.8	67.0	66.6	66.9	42.7	46.0	66.1	36.6	27.1	35.3	28.0	74.9	
36. Os06908500	43.3	45.2	47.4	46.4	37.1	51.2	47.7	36.2	44.4	42.5	42.5	49.2	55.6	45.0	47.4	24.0	46.8	29.1	36.2	
37. Os06909370	39.1	37.4	38.1	41.4	28.7	36.6	36.4	81.5	37.2	38.7	38.3	43.9	41.2	38.5	35.8	37.4	28.6	34.3	26.6	
38. Os02955250	41.3	41.3	42.2	56.0	35.1	50.1	42.0	45.3	44.0	41.5	44.0	60.5	59.0	43.5	42.2	59.2	46.4	31.8	35.3	
39. Os02935660	37.2	36.3	35.9	44.3	29.6	36.5	37.4	49.8	36.5	35.9	35.9	44.1	40.3	36.5	36.1	36.6	47.9	45.6	25.7	
40. Os07908440	63.4	62.8	63.9	41.0	55.3	49.6	63.4	35.6	64.5	67.6	66.6	41.8	45.7	68.1	82.0	46.0	35.8	41.7	34.0	
41. Os09g25040	38.1	38.1	38.7	54.5	31.1	47.9	38.7	42.5	36.3	36.3	37.5	58.5	54.9	37.1	37.3	43.7	56.3	44.8	37.5	
42. Pt_scaff_II_416	89.1	88.2	85.6	42.4	66.0	50.4	65.0	37.0	67.3	67.0	82.1	44.5	48.3	66.7	63.3	44.7	39.5	43.3	36.6	64.3
43. Pt_scaff_70_65	63.1	63.7	63.7	43.3	52.3	50.7	63.7	38.7	63.4	65.6	63.1	44.5	47.0	65.9	60.7	44.7	42.9	44.2	37.8	60.7
44. Pt_scaff_XIII_403	64.1	62.3	63.2	44.0	50.6	54.0	62.9	41.0	65.0	63.5	63.5	44.9	47.5	63.2	59.9	43.6	41.8	44.9	38.2	59.0
45. Pt_scaff28_86	39.3	39.9	39.5	47.8	31.8	42.1	39.9	47.6	38.6	40.6	41.4	47.6	45.8	40.1	36.4	41.2	49.6	47.6	45.6	35.3
46. Pt_TC63334	88.8	88.2	86.2	42.4	66.7	51.0	63.1	37.4	67.0	64.3	82.8	45.1	48.8	64.7	64.0	44.1	38.3	43.5	35.3	65.0
47. TA14134	50.2	48.9	46.5	43.6	42.8	54.9	50.2	35.1	49.2	48.9	51.7	43.6	45.5	49.8	47.7	46.6	36.8	44.7	36.8	46.8
48. TA5414	42.7	41.0	41.7	67.1	33.5	55.1	42.1	48.6	41.5	42.1	41.2	69.4	63.9	40.8	38.5	47.2	44.8	57.1	45.4	39.3
49. TA3263	89.1	88.5	86.6	43.1	66.7	51.0	63.1	37.4	67.3	64.7	82.8	45.6	49.1	65.0	64.0	44.4	38.7	43.8	35.1	64.3
50. TA2825	90.1	90.1	89.2	43.1	67.2	51.0	66.0	35.8	67.2	66.2	83.4	46.0	49.4	66.2	63.2	45.0	37.9	43.3	36.6	65.2
51. TA1616	66.3	65.0	65.0	42.9	55.2	51.0	65.6	38.3	63.2	65.6	66.0	47.2	47.8	66.6	63.2	48.5	40.8	46.3	36.3	66.0
52. TA21665	65.7	66.4	66.6	42.9	54.4	51.3	73.5	36.6	76.4	84.8	64.2	43.8	48.6	84.9	65.9	44.7	35.6	43.3	37.2	65.9
53. TC172581	66.8	67.4	65.6	42.2	55.6	50.7	76.1	38.5	76.0	92.1	66.1	43.8	48.3	92.8	65.8	44.4	38.5	41.5	36.6	64.5
54. AK247217	82.5	84.2	84.3	43.3	63.9	49.6	67.6	38.0	67.9	69.2	95.0	42.7	47.3	67.5	64.6	43.6	37.9	44.2	35.9	64.6
55. TC104646	62.7	61.5	61.6	43.1	59.2	49.3	62.1	35.1	66.6	67.6	62.9	40.2	44.2	67.1	77.6	45.2	35.8	40.1	34.0	85.0
56. DV982110	57.8	57.9	57.7	44.5	56.2	58.2	58.5	35.3	57.9	55.7	55.6	43.6	50.4	54.4	57.5	46.0	35.6	43.5	34.9	59.0
57. WO051050seqID516	43.0	43.6	43.6	50.5	35.0	46.0	41.9	45.9	41.3	41.9	43.2	52.9	48.8	42.1	42.5	44.3	44.6	51.6	42.6	41.9
58. TC68930	50.5	48.0	49.5	45.2	43.5	57.9	50.2	37.0	48.9	47.1	47.4	45.1	50.4	47.1	49.8	47.7	37.0	45.8	34.0	85.0
59. TA30646	83.2	84.2	84.3	42.9	63.9	49.6	68.3	37.6	67.5	95.4	42.2	46.8	68.5	62.3	43.1	39.3	45.6	36.3	65.9	
60. TA28621	67.8	68.4	66.6	42.4	54.9	51.3	77.1	38.7	76.6	93.8	66.8	43.6	48.6	94.4	66.8	45.0	38.5	41.5	36.5	64.1
61. TA34455	42.3	43.4	41.8	63.1	34.2	53.0	44.5	45.3	42.3	44.3	42.7	83.2	71.4	43.6	44.3	47.4	44.4	60.0	43.1	41.6
62. TA37666	48.7	48.7	47.4	63.7	39.8	61.0	49.5	42.4	48.2	49.5	49.5	71.1	88.9	50.3	48.2	54.7	41.8	55.8	38.5	47.6

ES 2 403 281 T3

63. TC253044	52.8	54.9	50.8	40.3	47.6	48.4	50.3	56.5	55.9	54.7	54.0	41.3	45.7	55.7	52.7	42.5	50.0	40.6	38.4	52.9
64. TabHLH11	62.4	62.2	61.6	40.5	58.7	50.4	63.1	35.8	66.2	66.9	65.6	41.8	45.2	67.8	86.4	43.3	36.8	41.0	36.3	80.5
65. TA46156	85.1	85.2	83.3	44.7	67.8	53.4	67.3	38.0	70.0	70.9	81.1	43.3	48.3	70.8	66.0	44.1	37.0	42.4	35.7	66.2
66. GSVIVT00017237001	45.9	45.0	45.9	64.9	35.9	61.2	44.0	42.6	42.1	42.8	46.2	68.2	65.1	43.8	43.3	52.4	43.1	58.5	42.4	44.7
67. TA46194	73.2	72.5	72.2	44.3	57.8	54.3	70.6	38.7	72.8	74.8	73.2	44.9	49.6	75.1	68.4	45.8	39.1	45.1	37.6	68.7
68. GSVIVT00016367001	36.9	36.5	38.1	44.3	29.9	41.6	39.0	50.3	36.9	35.3	38.8	45.4	44.3	35.5	36.5	39.6	50.5	46.2	49.4	35.9
69. TA139285	60.7	61.5	61.0	40.7	56.1	49.0	64.7	35.6	66.2	68.9	64.2	41.1	46.8	68.1	90.5	45.5	38.1	40.4	34.0	84.0
70. TA126400	62.7	61.8	63.6	42.6	57.9	49.3	62.4	34.9	65.9	66.9	62.3	40.0	45.2	66.1	76.2	44.1	35.6	40.8	35.3	82.9

	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
1. TC3698	30.0	50.8	48.7	47.8	28.7	50.8	31.8	29.7	51.4	54.0	50.6	52.3	50.2	54.4	58.0	45.1	33.3	33.4	54.7	50.8
2. AT1G03040	29.5	65.7	48.6	47.5	29.9	66.7	31.1	66.7	70.0	52.4	46.8	49.2	66.5	50.6	40.2	33.0	31.8	67.0	49.2	
3. AT4G02590	31.7	71.8	52.1	49.3	30.9	72.8	31.6	33.6	73.1	75.2	54.0	49.4	53.2	70.2	53.4	43.1	33.3	32.5	69.9	52.7
4. AT2G24260	21.4	16.7	16.6	15.5	18.1	17.0	18.9	23.0	17.0	16.4	17.3	15.6	15.4	17.0	16.6	18.5	20.8	19.9	16.5	15.7
5. AT4G30980	33.8	35.5	36.1	33.6	29.6	36.4	34.9	41.6	36.8	37.5	36.4	36.1	36.9	36.4	41.0	42.2	34.9	36.4	36.6	35.7
6. AT5G58010	31.9	34.6	34.2	34.1	31.3	35.8	36.3	35.6	35.8	35.1	33.9	36.2	35.1	35.4	38.3	46.5	33.5	39.9	36.2	34.7
7. TC15501	33.5	59.7	55.6	55.5	30.7	62.0	30.8	35.2	61.5	61.2	59.3	51.0	51.4	61.1	51.6	41.5	36.4	30.0	60.3	51.7
8. TC19278	17.0	19.7	17.0	18.0	22.7	19.7	29.4	19.0	20.5	20.3	18.3	18.8	18.4	19.8	21.0	25.1	20.2	30.4	20.1	18.4
9. TC10015_part	30.6	67.5	50.4	48.7	27.4	68.5	30.9	31.0	68.8	70.7	53.3	48.7	50.0	65.9	51.8	42.4	32.8	31.8	66.2	50.0
10. DY268946	31.5	42.9	54.2	51.6	29.6	44.0	36.8	33.1	44.0	43.7	57.3	42.4	43.9	41.7	47.0	40.7	35.5	35.9	44.5	44.9
11. TA2544	43.3	36.2	36.9	36.4	33.1	36.4	32.5	45.2	36.6	36.1	37.0	33.5	35.9	35.7	35.1	37.6	40.8	34.2	34.5	36.1
12. TA3392	30.8	76.3	49.3	48.6	28.3	78.0	30.2	31.0	78.0	76.7	52.6	53.2	52.5	68.3	51.8	42.8	33.4	31.3	68.0	53.2
13. TA12416	47.5	32.7	32.7	33.3	32.5	31.2	98.3	32.8	33.5	33.5	30.3	32.2	32.6	32.9	35.2	37.7	31.7	32.2		
14. WO051050seqID77	32.3	54.0	63.0	61.3	29.3	54.6	32.1	32.0	54.6	54.3	63.7	54.0	54.0	55.3	52.0	41.4	34.8	31.2	55.0	53.5
15. WO051050seqID1671	33.4	70.4	50.5	50.7	30.9	70.3	28.9	32.9	70.6	73.4	51.6	46.5	48.3	65.7	48.6	38.5	33.5	29.4	66.0	48.6
16. TA55042	31.1	47.8	61.3	60.1	30.4	48.1	30.9	33.3	48.1	50.0	62.5	47.4	50.3	49.2	51.5	40.4	31.6	33.0	49.5	50.9
17. TC207545	28.8	67.3	48.3	44.8	27.2	68.3	32.8	30.2	68.7	69.8	48.5	50.7	51.6	64.1	56.7	49.3	31.8	35.2	64.4	51.3
18. TA13791	32.5	80.7	50.1	50.7	30.7	82.0	32.6	33.3	82.7	82.1	54.9	53.4	54.2	71.8	54.9	43.3	35.4	32.8	72.4	54.2
19. CO123623	29.6	50.3	58.4	56.5	26.2	51.5	32.1	33.1	51.5	48.1	61.3	47.6	48.1	45.8	53.4	47.8	32.2	33.1	46.1	49.7
20. DT543504	29.0	33.3	33.3	32.7	40.8	32.9	36.1	30.8	33.5	35.1	33.1	35.0	36.4	34.1	34.6	41.2	31.0	37.2	35.3	37.2
21. TC60118	32.3	80.4	49.9	50.4	30.7	81.7	32.6	33.3	82.4	81.8	54.7	53.1	53.9	71.5	54.6	43.0	35.2	32.3	72.1	53.9
22. TC60119	31.4	80.5	49.9	48.6	30.1	81.8	31.2	33.6	82.4	82.8	53.3	53.8	54.1	73.5	51.7	42.9	35.1	32.4	73.8	55.0
23. TC61833	31.2	78.9	49.1	48.4	30.1	80.5	30.2	34.7	81.2	81.6	53.3	53.1	55.0	74.3	52.3	43.2	35.2	33.3	74.3	54.9
24. TC67603	43.3	33.3	33.2	32.0	33.3	34.0	31.5	56.8	33.9	32.8	34.2	32.5	33.0	32.7	33.9	37.6	36.3	33.2	32.5	33.6

25. TC229602	26.2	61.0	43.8	41.6	25.1	62.3	32.9	27.7	62.7	64.2	47.9	47.0	49.0	59.8	52.5	48.2	29.4	34.5	60.1	49.0	
26. TC205173	41.4	38.3	36.5	36.4	30.9	38.3	36.8	47.9	38.3	39.6	36.5	37.0	38.1	38.2	48.5	36.9	40.7	38.0	37.3		
27. TA1140	31.2	54.7	54.0	50.6	27.7	52.7	31.9	34.3	52.7	52.9	53.7	61.7	64.3	55.4	52.8	41.1	31.4	32.8	54.0	64.9	
28. TC140470	28.2	26.2	28.1	28.7	31.9	25.2	24.0	31.2	25.3	24.9	27.4	27.6	27.4	29.0	26.1	27.3	27.7	25.0	28.6	27.4	
29. TA3490_part	30.3	54.9	53.0	52.6	29.0	54.3	31.7	33.3	54.9	55.0	53.7	66.0	67.0	55.5	56.8	45.3	32.3	33.6	55.5	67.3	
30. CK293938	30.0	53.0	52.7	50.9	28.6	52.0	30.9	31.2	52.6	54.0	54.1	76.4	87.9	53.3	56.8	41.2	32.7	32.7	53.5	88.9	
31. TC8633	31.4	69.9	52.7	50.7	30.5	71.2	34.0	32.1	71.5	72.4	52.6	51.5	51.9	90.8	52.7	43.9	35.0	31.9	91.1	51.9	
32. TC7102	48.4	35.3	33.5	34.4	32.9	35.7	32.8	56.1	35.7	36.7	36.8	33.2	35.6	35.7	34.3	36.2	38.0	33.4	35.2	35.3	
33. TC7103	44.7	34.3	34.8	36.7	32.9	35.7	34.1	55.3	36.2	37.2	37.7	36.6	37.8	36.2	37.0	41.0	37.6	37.0	36.0	38.5	
34. TC12771	30.0	53.6	53.0	50.6	28.8	51.7	31.4	31.9	52.3	54.0	54.7	77.7	89.2	54.1	57.4	40.9	32.1	33.1	53.8	90.5	
35. Os03g58330	32.3	54.3	50.1	49.0	27.4	51.2	33.5	31.8	51.8	51.2	55.0	52.8	51.1	52.1	53.6	72.9	44.2	34.1	34.6	54.0	52.7
36. Os06g08500	38.0	32.9	32.1	31.3	27.7	34.3	32.3	37.9	34.6	33.9	34.5	29.6	33.1	33.1	33.1	33.3	36.6	32.8	32.0	32.8	32.7
37. Os06g09370	28.6	27.6	31.2	30.4	32.1	27.9	23.9	27.8	28.1	26.7	30.1	26.3	28.6	28.5	27.4	27.4	28.2	27.5	25.4	27.6	
38. Os02g55250	46.4	33.4	34.2	34.4	32.8	33.7	33.5	45.8	34.7	34.1	35.8	33.3	34.2	33.5	34.0	34.0	36.1	36.8	34.3	34.6	34.0
39. Os02g35660	30.4	26.4	29.1	27.2	31.9	26.1	25.7	30.5	26.4	28.2	27.7	25.5	27.8	27.3	26.5	27.9	29.1	26.6	27.6	28.1	
40. Os07g08440	31.4	53.4	50.0	47.8	27.7	52.3	31.7	31.7	52.3	56.2	55.8	51.9	50.8	51.4	81.3	45.6	33.6	31.9	52.6	50.8	
41. Os09g25040	30.6	31.2	31.1	30.9	29.1	47.7	31.7	31.5	31.6	29.4	30.5	31.7	31.1	32.5	37.2	31.3	31.5	31.5	30.4		
42. Pt_scaff_ 416	38.3	50.3	49.6	29.1	93.7	30.5	33.0	93.0	88.9	52.1	52.5	54.9	72.7	53.4	44.4	36.5	32.4	73.0	54.5		
43. Pt_scaff_70.65	38.1	63.1	88.4	29.5	50.0	31.0	32.4	49.7	51.6	73.2	51.5	51.7	52.3	49.4	42.3	34.6	31.6	52.0	52.0		
44. Pt_scaff_XII.403	38.5	63.2	90.7	27.9	49.6	28.2	32.3	49.3	49.6	71.3	49.9	50.4	50.6	48.8	40.0	34.8	30.5	50.6	51.3		
45. Pt_scaff28.86	46.1	39.3	40.4	40.6	29.8	31.8	33.2	30.3	28.9	29.8	28.7	27.9	30.1	27.6	31.1	33.6	32.2	30.1	28.5		
46. Pt_TC6334	38.1	95.3	63.4	61.4	40.4	30.8	33.6	98.7	89.2	52.3	52.5	53.9	74.0	53.7	44.6	35.2	33.1	74.3	53.9		
47. TA14134	38.1	48.3	49.2	47.6	42.1	49.2	30.1	30.8	31.4	31.4	29.6	30.5	33.2	31.4	39.1	33.7	49.4	33.4	30.0		
48. TA5414	60.5	42.1	41.0	42.1	47.9	42.7	39.7	32.7	33.8	32.4	30.3	32.5	32.4	31.9	35.3	38.1	30.2	31.8	32.5		
49. TA3263	38.7	95.0	63.4	61.4	41.0	99.0	49.8	42.1	89.2	52.6	53.1	54.5	74.3	54.3	44.9	35.8	33.6	74.6	54.5		
50. TA2825	39.1	93.3	64.7	62.9	39.0	50.2	41.2	93.3	53.6	53.6	53.6	68.4	65.6	82.2	53.3	54.0	44.8	35.0	32.0	76.3	
51. TA1616	39.5	65.6	83.7	80.5	41.2	64.1	50.3	40.6	64.1	66.3	51.1	52.4	54.1	54.8	42.5	35.7	32.1	54.1	53.6		
52. TA21665	37.7	67.0	63.7	63.2	37.7	66.7	48.0	41.2	67.0	66.6	65.0	75.2	52.3	53.8	43.0	32.0	32.5	52.0	76.5		
53. TC172581	38.1	68.4	64.7	63.5	39.9	66.8	49.8	42.1	67.1	68.4	65.6	82.2	53.3	54.0	43.5	34.0	31.8	52.1	96.7		
54. AK247217	37.9	83.8	65.3	63.8	42.8	84.4	50.8	41.9	84.4	86.1	66.9	66.8	52.8	44.3	35.0	32.8	98.3	53.8			
55. TC104646	37.1	63.3	57.4	57.8	36.0	63.7	44.6	38.9	64.0	62.9	61.7	65.8	62.9	48.5	34.2	34.4	53.5	55.0			
56. DV982110	38.9	58.3	54.1	50.3	40.1	58.3	51.1	41.7	58.7	57.5	53.7	57.4	53.3	55.0	60.3	54.2	40.7	45.0	43.2		
57. WO051050seq D516	52.3	44.7	44.5	44.7	49.5	42.5	51.7	43.0	46.0	41.7	43.0	42.3	55.7	54.7	37.2	34.6	33.7				
58. TC68930	40.9	49.8	48.0	46.1	45.0	50.8	63.7	40.4	51.1	48.9	50.2	48.3	50.2	49.5	47.7	53.2	47.9	32.9	31.7		

59. TA30646	37.9	84.1	65.3	63.8	42.8	84.8	49.8	41.7	84.8	85.8	66.9	65.2	66.8	99.0	63.6	56.6	42.1	49.2
60. TA28621	37.7	68.8	65.3	63.8	40.4	67.4	48.3	41.2	67.8	69.1	66.0	83.6	97.7	67.1	65.5	53.6	43.8	48.3
61. TA34455	59.5	42.5	44.7	46.5	46.1	41.2	42.7	66.9	40.9	42.5	43.0	40.9	43.2	41.4	40.0	42.5	53.8	44.5
62. TA37666	52.3	49.7	51.0	49.2	43.9	50.0	47.1	63.5	50.3	47.6	48.2	49.7	48.4	47.6	44.5	46.1	48.8	51.0
63. TC253044	36.5	54.0	49.8	50.3	41.4	53.3	46.8	39.1	54.0	54.5	49.1	54.4	53.6	51.7	50.0	55.2	40.0	51.7
64. TabHLH11	36.5	62.3	58.3	59.0	36.4	63.0	45.5	38.2	63.3	63.2	59.5	65.9	66.1	65.6	83.3	60.5	43.0	46.2
65. TA46156	37.5	85.0	64.7	61.4	39.0	85.3	50.5	40.2	85.7	87.0	65.0	66.9	67.8	82.5	65.1	60.2	42.5	48.9
66. GSVIVT00017237001	56.5	44.3	45.9	48.1	47.6	45.0	44.0	69.2	45.2	44.7	45.0	43.1	44.7	44.7	41.4	45.7	55.9	47.4
67. TA46194	39.7	73.8	70.4	69.2	40.1	73.5	49.5	42.1	73.8	73.5	74.8	72.5	73.2	74.4	66.8	56.9	44.3	50.5
68. GSVIVT00016367001	45.9	38.8	40.6	41.2	63.9	36.7	39.0	45.6	36.3	37.9	37.9	36.7	37.3	38.8	34.6	37.3	44.5	40.6
69. TA139285	37.7	61.7	58.3	58.4	38.4	61.7	47.1	38.2	61.7	61.2	64.1	66.2	65.5	64.2	82.5	59.6	42.8	48.6
70. TA126400	36.7	64.0	58.0	55.7	36.4	64.7	45.8	41.5	65.0	64.9	62.0	66.2	64.5	61.9	92.3	59.3	42.5	48.0

	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70									
1. TC3698	31.4	35.3	37.5	56.1	53.5	34.9	54.6	25.8	58.1	55.7									
2. AT1G03040	32.8	36.4	37.3	50.6	63.2	33.5	53.4	28.0	50.8	49.4									
3. AT4G02590	33.4	38.9	37.0	53.7	69.0	34.8	56.3	28.5	53.7	50.7									
4. AT2G24260	20.6	21.8	14.8	17.0	16.3	22.1	16.5	16.3	16.8	16.5									
5. AT4G30980	41.3	43.2	35.3	39.5	38.6	39.7	37.3	29.5	40.2	40.5									
6. AT5G58010	36.6	40.5	36.6	37.3	36.1	36.2	35.9	28.6	38.4	37.5									
7. TC15501	37.0	37.5	34.0	51.1	59.6	34.8	64.3	30.7	53.4	49.7									
8. TC19278	17.0	20.6	24.1	19.9	21.3	20.0	20.1	19.5	20.2	20.1									
9. TC10015_part	32.7	35.1	36.8	53.9	68.5	33.2	54.4	26.9	51.8	51.6									
10. DY2688946	34.0	34.6	33.1	49.0	45.3	36.4	50.0	30.2	46.1	45.5									
11. TA2544	46.6	45.3	31.7	32.9	36.3	42.9	37.1	33.9	36.2	35.0									
12. TA3392	34.1	36.5	37.5	53.7	73.3	34.2	57.6	28.0	54.4	52.6									
13. TA12416	53.7	52.9	28.8	32.9	33.3	58.2	33.3	31.9	31.8	33.3									
14. WO051050seqID77	35.8	33.9	36.7	49.2	56.2	33.4	60.3	26.9	52.6	51.2									
15. WO051050seqID1671	33.8	34.8	33.8	48.9	66.8	34.0	57.0	29.8	49.6	48.9									
16. TA55042	35.3	36.8	35.1	49.0	51.4	34.2	56.0	28.4	52.0	51.2									
17. TC207545	29.6	32.8	39.7	54.5	67.5	33.2	55.4	26.1	54.6	55.6									
18. TA13791	36.0	38.0	36.3	54.7	75.6	36.5	59.8	29.1	54.6	53.7									
19. CO123623	29.8	33.3	36.7	53.0	49.4	30.9	55.6	27.3	52.5	51.9									
20. DT543504	32.0	33.9	41.4	37.9	36.0	31.4	34.5	37.8	34.8	35.2									

21. TC60118	36.0	38.0	36.3	54.4	75.2	36.5	59.5	29.1	54.2	53.4
22. TC60119	34.8	37.5	36.4	53.9	75.7	35.6	59.4	29.0	53.9	51.2
23. TC61833	34.0	36.7	34.1	53.1	73.4	35.2	59.2	28.6	53.8	52.5
24. TC67603	46.9	51.7	30.2	32.6	34.9	51.4	34.0	31.0	32.4	33.9
25. TC229602	27.7	31.3	34.7	51.4	63.3	29.4	53.2	23.3	51.4	50.0
26. TC205173	42.1	48.7	35.1	38.1	39.7	52.3	40.4	30.7	37.6	38.8
27. TA1140	34.5	37.4	36.7	52.1	54.3	35.5	61.0	27.7	54.6	52.8
28. TC140470	30.3	28.1	55.1	25.1	24.9	29.7	28.1	34.4	25.2	25.5
29. TA3490_part	33.6	36.7	36.5	54.6	58.5	34.0	61.3	26.3	55.1	54.5
30. CK293938	34.3	37.7	36.6	52.6	55.9	34.3	65.0	27.8	55.8	54.2
31. TC8633	33.7	36.8	35.2	53.7	71.7	36.0	59.3	29.4	54.1	50.9
32. TC7102	71.8	63.0	31.4	36.8	34.2	54.6	35.6	30.0	34.8	34.0
33. TC7103	62.4	83.3	33.6	39.1	36.0	53.1	38.0	29.6	38.5	36.9
34. TC12771	34.6	38.1	36.6	53.7	57.2	33.9	66.2	28.7	56.8	54.2
35. Os03g58330	36.6	37.6	34.9	80.3	53.5	34.5	58.3	27.8	87.2	69.4
36. Os06g08500	39.0	40.0	30.1	34.1	32.6	40.3	33.5	27.5	35.9	32.3
37. Os06g09370	30.3	28.4	45.0	26.8	27.4	29.2	27.7	34.1	28.0	25.9
38. Os02g55250	46.1	44.2	31.3	33.8	33.6	46.3	34.4	30.3	34.6	34.8
39. Os02g35660	31.3	29.8	29.5	27.1	25.9	31.3	27.7	33.7	27.2	27.6
40. Os07g08440	33.6	36.3	35.3	74.9	53.0	35.8	57.1	27.0	79.7	76.2
41. Os09g25040	45.6	43.6	27.9	31.1	30.5	47.3	31.6	30.4	32.3	31.4
42. Pt_scaff_II.416	34.1	35.6	35.5	53.9	74.1	34.4	61.5	28.9	55.3	52.2
43. Pt_scaff_70.65	34.1	37.6	35.0	48.8	53.6	35.0	58.9	28.0	49.5	50.1
44. Pt_scaff_XII.403	34.7	36.5	34.2	47.5	50.3	35.8	57.4	29.5	47.6	48.1
45. Pt_scaff28.86	32.2	32.3	31.2	28.1	28.3	34.3	31.0	49.3	29.8	26.4
46. Pt_TC63334	33.9	37.2	34.8	54.8	76.6	35.1	60.0	28.5	55.6	53.1
47. TA14134	30.4	35.1	32.5	32.0	32.4	33.7	32.5	29.4	32.9	32.2
48. TA5414	52.7	53.3	29.2	32.9	33.8	57.9	33.8	32.1	32.6	32.8
49. TA3263	33.8	37.7	34.8	55.1	76.9	35.6	60.0	28.3	55.6	53.4
50. TA2825	34.6	35.8	35.6	55.8	77.7	35.8	62.0	28.0	55.5	53.7
51. TA1616	35.0	36.8	34.7	51.4	56.6	34.4	62.5	29.2	55.0	54.4
52. TA21665	32.3	36.3	35.6	52.1	52.9	33.2	60.5	27.6	53.6	52.7
53. TC172581	34.2	37.7	37.1	51.9	57.3	35.3	64.2	28.6	53.1	51.6
54. AK247217	34.2	36.4	34.4	54.0	73.9	35.3	60.2	30.1	53.3	50.9

55. TC104646	34.4	36.3	35.7	74.4	54.6	34.2	58.1	26.3	77.6	91.2
56. DV982110	34.7	38.2	41.9	45.8	45.4	37.3	43.8	29.7	46.7	45.9
57. WO051050seqID516	38.0	37.3	29.6	33.4	35.4	40.4	36.1	29.6	34.8	33.3
58. TC68930	31.5	36.6	35.7	32.2	32.1	35.4	32.3	30.7	34.3	34.6
59. TA30646	32.0	36.7	34.4	54.7	73.9	35.5	60.2	29.5	54.9	51.2
60. TA28621	33.6	39.1	37.4	51.4	56.2	35.3	63.5	28.7	53.4	52.2
61. TA34455		61.4	30.3	35.9	33.5	50.6	35.4	32.2	34.9	34.6
62. TA37666	70.7		32.2	39.2	36.2	52.3	38.4	30.4	37.4	37.9
63. TC253044	40.9	47.1		34.6	36.5	33.0	37.2	30.6	35.8	35.8
64. TabHLH11	41.6	45.5	51.4		52.5	33.3	55.7	27.7	82.7	70.7
65. TA46156	41.6	47.6	53.8	66.4		35.1	65.7	27.0	55.3	52.9
66. GSVIVT00017237001	67.1	64.4	43.5	41.9	45.9		36.0	31.6	32.5	35.6
67. TA46194	45.2	50.5	51.1	66.1	75.7	45.0		29.3	57.5	56.5
68. GSVIVT00016367001	46.8	42.7	41.4	35.1	36.1	44.5	37.5		26.9	26.1
69. TA139285	43.2	44.0	54.8	89.5	66.4	40.0	68.1	37.3		72.8
70. TA126400	40.7	46.1	53.8	79.6	65.1	41.9	66.5	35.7	80.4	

Tabla E3: Resultados MatGAT para similitud e identidad global sobre los dominios HLH de las secuencias de polipéptido similar a bHLH11

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1. AT2G2260	98.0	92.2	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	94.1	96.1	86.3	98.0	88.9	96.1	98.0	98.0	
2. AT4G39980	100.0	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	94.1	96.1	96.1	
3. AT5G59010	98.0	98.0	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	96.1	90.2	84.3	92.2	83.3	90.2	92.2	92.2	92.2	
4. TA12416	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	96.1	98.0	88.2	100.0	90.7	98.0	98.0	98.0	
5. TA5414	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	96.1	98.0	88.2	100.0	90.7	98.0	98.0	98.0	
6. TC205173	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	96.1	98.0	88.2	100.0	90.7	98.0	98.0	98.0	
7. GSVIVT00017237001	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	96.1	98.0	88.2	100.0	90.7	98.0	98.0	98.0	
8. TC7102	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	96.1	98.0	88.2	100.0	90.7	98.0	98.0	98.0	
9. TA34455	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	96.1	98.0	88.2	100.0	90.7	98.0	98.0	98.0	
10. TC7103	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	94.1	88.2	96.1	87.0	94.1	94.1	94.1	
11. TA37666	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	94.1	88.2	96.1	87.0	94.1	94.1	94.1	
12. TC67603	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	86.3	98.0	88.9	96.1	96.1	96.1	
13. Os06g08500	90.2	90.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	90.2	88.2	79.6	86.3	86.3	86.3	
14. Os02g55250	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	90.7	98.0	98.0	98.0	
15. Os08g25040	88.9	88.9	90.7	90.7	90.7	90.7	90.7	90.7	90.7	90.7	90.7	88.9	88.3	90.7	88.9	88.9	88.9	

16. TA2544	98.0	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	100.0	90.7		96.1	96.1	
17. DV982110	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	100.0	90.7	100.0	90.7	100.0	
18. WO051050seqID516	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	100.0	90.7	100.0	90.7	100.0	
19. AT4G02590	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
20. TC10015_part	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
21. AT1G03040	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
22. TA13791	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.0	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
23. TC60118	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
24. TC60119	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2	86.3	94.1	85.2	94.1	94.1	94.1
25. TC61833	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
26. TA3392	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
27. WO051050seqID1671	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
28. Pt_TC63334	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
29. TA3263	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
30. Pt_scaff_II.416	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
31. TA2825	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
32. TC207545	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
33. TC229602	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
34. TA46156	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
35. AK247217	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
36. TA30646	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
37. TC8633	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
38. TC15501	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	100.0	90.7	100.0	100.0	100.0	
39. TA1140	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
40. TA3490_part	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
41. CK293938	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
42. TC12771	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
43. TC172581	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
44. TA28621	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
45. TA21665	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
46. TA46194	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	100.0	90.7	100.0	100.0	100.0	
47. DY268946	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
48. CO123623	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	98.0	
49. Pt_scaff_70.65	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	84.3	92.2	83.3	92.2	92.2	92.2	

ES 2 403 281 T3

	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
50. Pt_scaff_XIII_403	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	84.3	92.2	83.3	92.2	92.2	
51. TA1616	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
52. TA55042	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
53. W0051050seqID77	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
54. TC3698	96.1	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	96.1	
55. Os03g58330	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
56. TA139285	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
57. TabHLH11	96.1	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	98.0	98.0	
58. TC104646	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	100.0	
59. TA126400	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	100.0	
60. Os07g08440	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
61. Os02g35660	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	90.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
62. DT543504	94.1	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	98.0	94.1	90.2	96.1	87.0	96.1	96.1	
63. Pt_scaff28.86	94.1	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	98.0	94.1	90.2	96.1	88.9	96.1	96.1	
64. GSVIVT00016367001	96.1	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	96.1	92.2	98.0	88.9	98.0	98.0	
65. TC19278	68.6	70.6	72.5	70.6	70.6	70.6	70.6	70.6	72.5	70.6	72.5	70.6	72.5	70.6	63.0	70.6	70.6	
66. TA14134	94.1	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	88.2	96.1	87.0	96.1	96.1	
67. TC68930	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	92.2	100.0	90.7	100.0	100.0	
68. TC140470	94.1	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	98.0	94.1	90.2	96.1	87.0	96.1	96.1	
69. TC253044	94.1	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	98.0	94.1	90.2	96.1	87.0	96.1	96.1	
70. Os06g09370	92.2	94.1	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	96.1	92.2	88.2	94.1	85.2	94.1	94.1	

12. TC67603	80.4	80.4	78.4	82.4	82.4	80.4	82.4	78.4	80.4	82.4	80.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4
13. Os06g08500	70.6	70.6	72.5	72.5	72.5	70.6	72.5	72.5	70.6	72.5	70.6	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5	72.5
14. Os02g55250	82.4	82.4	80.4	84.3	84.3	82.4	84.3	84.3	80.4	82.4	84.3	82.4	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3
15. Os09g25040	74.1	74.1	72.2	75.9	75.9	74.1	75.9	75.9	72.2	74.1	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9	75.9
16. TA2544	80.4	80.4	78.4	82.4	82.4	80.4	82.4	82.4	78.4	80.4	82.4	80.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4	82.4
17. DV982110	82.4	82.4	80.4	84.3	84.3	82.4	84.3	84.3	80.4	82.4	84.3	82.4	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3
18. WO051050seq D516	82.4	82.4	80.4	84.3	84.3	82.4	84.3	84.3	80.4	82.4	84.3	82.4	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3
19. AT4G02590	100.0	100.0	98.0	96.1	96.1	92.2	94.1	96.1	92.2	92.2	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1
20. TC10015_part	100.0	100.0	98.0	96.1	96.1	92.2	94.1	96.1	92.2	92.2	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1
21. AT1G03040	100.0	100.0	94.1	94.1	94.1	90.2	92.2	94.1	92.2	90.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1
22. TA13791	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	96.1	96.1	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
23. TC60118	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	96.1	96.1	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
24. TC60119	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	98.0	96.1	96.1	92.2	94.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1
25. TC61833	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
26. TA3392	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
27. WO051050seq D1671	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
28. Pt_TC63334	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	94.1	94.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1
29. TA3263	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
30. Pt_scaff_ll416	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
31. TA2825	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1
32. TC207545	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	98.0	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
33. TC229602	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	98.0	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
34. TA46156	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	100.0	98.0	96.1	98.0	100.0	98.0	100.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
35. AK247217	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
36. TA30646	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
37. TC8633	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
38. TC15501	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
39. TA1140	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
40. TA3490_part	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
41. CK293938	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
42. TC12771	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
43. TC172581	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
44. TA28621	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
45. TA21665	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0

	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
1. AT2G24260	86.3	88.2	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	88.2	84.3	88.2	82.4	80.4	86.3	88.2	86.3	82.4
2. AT4G30980	84.3	86.3	86.3	86.3	82.4	82.4	82.4	82.4	86.3	82.4	86.3	82.4	80.4	78.4	84.3	86.3	84.3	80.4
3. AT5G56010	80.4	82.4	82.4	82.4	78.4	78.4	78.4	78.4	82.4	82.4	78.4	82.4	76.5	74.5	80.4	82.4	80.4	82.4
4. TA12416	86.3	88.2	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	88.2	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	86.3	86.3	82.4
5. TA5414	86.3	88.2	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	88.2	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	86.3	86.3	82.4
6. TC205173	86.3	88.2	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	88.2	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	86.3	86.3	82.4
7. GSVIVT00017237001	86.3	88.2	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	88.2	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	86.3	86.3	82.4
46. TA46194	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	94.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	96.1
47. DY268946	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	94.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	96.1
48. CO123623	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	94.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	96.1
49. Pt_scaff_70_65	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2	90.2	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2
50. Pt_scaff_XIII_403	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2	90.2	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2
51. TA1616	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	94.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	96.1
52. TA55042	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0
53. WO051050seq D77	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1
54. TC3698	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	98.0	96.1	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1
55. Os03g58330	96.1	96.1	96.1	98.0	94.1	96.1	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
56. TA139285	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1
57. TabHLH11	94.1	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	98.0	96.1	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1
58. TC104646	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0
59. TA126400	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1
60. Os07g08440	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	94.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1
61. Os02g35660	94.1	94.1	94.1	96.1	96.1	94.1	94.1	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1
62. DT543504	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	90.2	92.2	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1
63. Pt_scaff28_86	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	90.2	92.2	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2
64. GSVIVT00016367001	94.1	94.1	96.1	96.1	96.1	92.2	94.1	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	94.1
65. TC19278	66.7	68.6	68.6	68.6	66.7	66.7	68.6	66.7	68.6	66.7	68.6	68.6	68.6	68.6	68.6	68.6	68.6	66.7
66. TA14134	92.2	92.2	94.1	94.1	90.2	92.2	94.1	92.2	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2
67. TC68930	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	94.1	96.1	98.0	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	96.1
68. TC140470	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	92.2	92.2	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2
69. TC253044	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	92.2	92.2	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	92.2
70. Os06g09370	90.2	90.2	92.2	92.2	90.2	90.2	92.2	92.2	90.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	90.2

8.TC7102	86.3	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	88.2	86.3	82.4
9.TA34455	86.3	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	88.2	86.3	82.4
10.TC7103	82.4	84.3	84.3	80.4	80.4	80.4	80.4	84.3	80.4	84.3	78.4	76.5	84.3	84.3
11.TA37666	82.4	84.3	84.3	80.4	80.4	80.4	80.4	84.3	80.4	84.3	78.4	76.5	84.3	82.4
12.TC67603	84.3	86.3	86.3	82.4	82.4	82.4	82.4	86.3	82.4	86.3	84.3	82.4	86.3	80.4
13.Os06g08500	74.5	76.5	76.5	72.5	72.5	72.5	72.5	76.5	72.5	76.5	70.6	68.6	76.5	74.5
14.Os02g55250	86.3	88.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	84.3	88.2	82.4	80.4	88.2	86.3
15.Os09g25040	77.8	79.6	79.6	75.9	75.9	75.9	75.9	79.6	75.9	79.6	74.1	72.2	79.6	77.8
16.TA2544	84.3	86.3	86.3	82.4	82.4	82.4	82.4	86.3	82.4	86.3	80.4	78.4	86.3	80.4
17.DV982110	86.3	90.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	90.2	84.3	88.2	82.4	80.4	86.3	82.4
18.WO051050seq D516	86.3	90.2	88.2	84.3	84.3	84.3	84.3	90.2	84.3	88.2	82.4	80.4	86.3	82.4
19.AT4G02590	94.1	90.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	90.2	90.2	88.2	86.3	94.1	90.2
20.TC10015_part	94.1	90.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	90.2	90.2	88.2	86.3	94.1	90.2
21.AT1G03040	92.2	88.2	86.3	86.3	86.3	86.3	86.3	88.2	88.2	88.2	86.3	86.3	88.2	86.3
22.TA13791	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	86.3	94.1	94.1
23.TC60118	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1
24.TC60119	94.1	90.2	88.2	88.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	88.2	86.3	92.2	88.2
25.TC61833	96.1	92.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	92.2	92.2	92.2	86.3	90.2	94.1
26.TA3392	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1
27.WO051050seq D1671	92.2	90.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	90.2	90.2	88.2	86.3	90.2	94.1
28.Pt_TC63334	94.1	90.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	90.2	90.2	88.2	86.3	90.2	94.1
29.TA3263	96.1	92.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	92.2	92.2	92.2	86.3	94.3	92.2
30.Pt_scaff_II_416	94.1	92.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	92.2	92.2	92.2	86.3	90.2	94.1
31.TA2825	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	84.3	92.2	92.2
32.TC207545	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	86.3	90.2	94.1
33.TC229602	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	86.3	90.2	94.1
34.TA46156	96.1	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	86.3	90.2	94.1
35.AK247217	94.1	90.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	90.2	90.2	90.2	84.3	86.3	90.2
36.TA30646	96.1	92.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	90.2	92.2	92.2	92.2	86.3	88.2	94.1
37.TC8633	90.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	88.2	90.2	90.2	90.2	84.3	88.2	96.1
38.TC15501	96.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	100.0	100.0	100.0	98.0	94.1	96.1
39.TA1140	96.1	98.0	100.0	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	84.3	88.2	92.2
40.TA3490_part	96.1	98.0	100.0	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	94.1	94.1	84.3	88.2	92.2
41.CK293938	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	92.2	92.2	92.2	88.2	92.2	94.1

	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70
1. AT2G24260	88.2	88.2	88.2	88.2	86.3	88.2	90.2	92.2	64.7	88.2	94.1	86.3	86.3	88.2		
2. AT4G30980	86.3	86.3	86.3	86.3	84.3	84.3	88.2	90.2	92.2	64.7	90.2	96.1	86.3	86.3		
3. AT5G58010	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	84.3	88.2	90.2	92.2	68.6	86.3	96.1	82.4	84.3
42. TC12771	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	92.2	94.1	90.2	88.2	88.2	92.2	94.1	88.2
43. TC172581	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	92.2	94.1	90.2	88.2	88.2	92.2	94.1	88.2
44. TA28621	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	92.2	94.1	90.2	88.2	88.2	92.2	94.1	88.2
45. TA21665	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	92.2	94.1	90.2	88.2	88.2	92.2	94.1	88.2
46. TA46194	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	92.2	94.1	98.0	90.2	88.2	94.1	98.0	90.2
47. DY266946	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	94.1	98.0	90.2	88.2	94.1	98.0	90.2
48. CO123623	96.1	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	98.0	100.0	98.0	100.0	92.2	90.2	94.1	98.0
49. Pt_scaff_70_65	90.2	94.1	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	96.1	98.0	90.2	92.2	84.3
50. Pt_scaff_XIII_403	90.2	94.1	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	96.1	100.0	88.2	90.2	82.4
51. TA1616	94.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	100.0	92.2	90.2	94.1	98.0
52. TA55042	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	94.1	92.2	86.3
53. WO051050seqID77	94.1	96.1	98.0	98.0	100.0	100.0	100.0	100.0	96.1	98.0	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	90.2
54. TC3698	98.0	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	92.2	92.2	96.1	94.1
55. Os03g58330	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	92.2	92.2	96.1	98.0
56. TA139285	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	92.2	92.2	96.1	98.0
57. TabHLH11	98.0	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	90.2	90.2	94.1	100.0
58. TC104646	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	92.2	92.2	96.1	98.0
59. TA126400	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	92.2	92.2	96.1	98.0
60. Os07g08440	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	92.2	92.2	96.1	98.0
61. Os02g35660	94.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	92.2	92.2	96.1	96.1
62. DT543504	92.2	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	88.2	88.2	94.1	94.1
63. Pt_scaff28_86	92.2	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	88.2	88.2	94.1	92.2
64. GSIVT00016367001	94.1	98.0	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	96.1	90.2	90.2	96.1	94.1
65. TC19278	66.7	70.6	68.6	68.6	68.6	68.6	68.6	68.6	70.6	68.6	68.6	68.6	66.7	66.7	68.6	68.6
66. TA14134	92.2	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	88.2	88.2	94.1	94.1
67. TC68930	96.1	100.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	92.2	92.2	98.0	98.0
68. TC140470	92.2	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	90.2	90.2	94.1	94.1
69. TC253044	92.2	96.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	90.2	90.2	94.1	94.1
70. Os06g09370	90.2	94.1	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	92.2	94.1	92.2	92.2	88.2	88.2	92.2	92.2

38. TC155501	92.2	92.2	90.2	92.2	92.2	90.2	80.4	82.4	82.4	84.3	56.9	78.4	86.3	78.4	78.4	80.4
39. TA1140	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	92.2	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
40. TA3490_part	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	92.2	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
41. CK293938	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	78.4	78.4	76.5	76.5	52.9	76.5	80.4	76.5	76.5	78.4
42. TC12771	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	78.4	76.5	76.5	78.4	52.9	76.5	80.4	76.5	76.5	78.4
43. TC172581	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	78.4	76.5	76.5	78.4	52.9	76.5	80.4	76.5	76.5	78.4
44. TA28621	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	78.4	78.4	76.5	76.5	52.9	76.5	80.4	76.5	76.5	78.4
45. TA21665	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	78.4	76.5	76.5	78.4	52.9	76.5	80.4	76.5	76.5	78.4
46. TA46194	92.2	92.2	90.2	92.2	92.2	90.2	80.4	82.4	82.4	84.3	56.9	78.4	86.3	78.4	78.4	80.4
47. DY268946	92.2	92.2	90.2	92.2	92.2	90.2	78.4	78.4	76.5	76.5	52.9	76.5	80.4	76.5	76.5	78.4
48. CO123623	92.2	92.2	90.2	92.2	92.2	90.2	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
49. Pt_scaff_70.65	86.3	86.3	84.3	86.3	86.3	84.3	74.5	74.5	74.5	76.5	52.9	74.5	78.4	72.5	72.5	74.5
50. Pt_scaff_XIII.403	84.3	84.3	82.4	84.3	84.3	82.4	72.4	72.5	72.5	74.5	51.0	72.5	76.5	70.6	72.5	74.5
51. TA1616	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	76.5	78.4	78.4	80.4	52.9	78.4	82.4	74.5	74.5	76.5
52. TA55042	92.2	92.2	90.2	92.2	92.2	90.2	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
53. WO051050seqID77	90.2	90.2	88.2	90.2	90.2	88.2	78.4	78.4	78.4	80.4	54.9	76.5	82.4	76.5	76.5	78.4
54. TC3698	90.2	90.2	92.2	90.2	90.2	88.2	72.5	76.5	78.4	80.4	52.9	74.5	82.4	70.6	70.6	72.5
55. Os03g58330	100.0	98.0	100.0	100.0	98.0	98.0	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
56. TA139285	100.0	98.0	100.0	100.0	98.0	98.0	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
57. TabHLH11	98.0	98.0	98.0	98.0	98.0	96.1	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
58. TC104646	100.0	100.0	98.0	100.0	100.0	98.0	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
59. TA126400	100.0	100.0	98.0	100.0	98.0	98.0	78.4	80.4	80.4	82.4	54.9	78.4	84.3	76.5	76.5	78.4
60. Os07g08440	100.0	100.0	98.0	100.0	100.0	98.0	76.5	78.4	78.4	80.4	52.9	76.5	82.4	78.4	78.4	78.4
61. Os02g35660	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	88.2	90.2	64.7	82.4	88.2	88.2
62. DT543504	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	94.1	96.1	66.7	82.4	92.2	88.2
63. Pt_scaff28.86	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	98.0	96.1	96.1	98.0	68.6	82.4	94.1	90.2	90.2	92.2
64. GSVIVT00016367001	98.0	98.0	96.1	98.0	98.0	98.0	100.0	98.0	98.0	98.0	70.6	84.3	96.1	90.2	90.2	92.2
65. TC19278	70.6	70.6	68.6	70.6	70.6	72.5	70.6	70.6	72.5	72.5	62.7	68.6	62.7	62.7	64.7	
66. TA14134	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	96.1	72.5		88.2	78.4	78.4	80.4
67. TC68930	100.0	100.0	98.0	100.0	100.0	100.0	98.0	98.0	98.0	100.0	72.5	96.1		86.3	86.3	88.2
68. TC140470	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	70.6	94.1		100.0	100.0	96.1
69. TC253044	96.1	96.1	94.1	96.1	96.1	96.1	98.0	98.0	98.0	98.0	70.6	94.1		100.0	100.0	96.1
70. Os06g09370	94.1	94.1	92.2	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	94.1	96.1	68.6	92.2	96.1	98.0	98.0	

Ejemplo 4: Identificación de los dominios comprendidos en las secuencias de polipéptidos útiles en realizar los métodos de la invención

La Fuente Integrada de la base de datos de Familias de Proteína, Dominios y Sitios (InterPro) es una interfaz integrada para la base de datos característica comúnmente utilizada para las búsquedas con base en secuencia y texto. La base de datos InterPro combina estas bases de datos, que utilizan diferentes metodologías y varios grados de información biológica a cerca de las proteínas bien caracterizadas para derivar proteínas características. Las bases de datos que colaboran incluyen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom y Pfam, Smart y TIGRFAMs. Pfam es una gran colección de múltiples alineaciones de secuencia y modelos ocultos de Markov que cubren la mayor parte de los dominios de proteína comunes y familias. Pfam está alojado en el servidor del Instituto Sanger en el Reino Unido. Interpro está alojado al Instituto de Bioinformática Europeo en el Reino Unido.

5 Los resultados de la exploración InterPro de la secuencia de polipéptidos según se representa por la SEQ ID NO: 10 245 se presentan en la Tabla E4.

Tabla E4: Exploración InterPro resulta (números de acceso principales) de la secuencia de polipéptidos como se representa por la SEQ ID NO: 245.

Base de datos	Número de acceso	Nombre de acceso	Aminoácido se coordina en SEQ ID NO 245; valor e
InterPro	IPR001092	Región de dimerización de hélice-bucle-hélice básico bHLH	
HMMpfam	PF00010.14	Dominio de unión a ADN hélice-bucle-hélice	T[127-176] 1.6e-06
HMMSmart	SM00353	Sin descripción	T[132-181]1.5e-09
ProfileScan	PS50888	HLH	T[120-176] 12.451
InterPro	IPR011598	Unión de ADN Hélice-bucle-hélice	
Superfamilia	SSF47459	Dominio de unión a ADN de hélice-bucle-hélice	T[122-195] 1.8e-14

15 **Ejemplo 5:** Predicción de topología de la secuencia de polipéptidos útil en el desarrollo de los métodos de la invención

El TargetP 1.1 predice la ubicación subcelular de las proteínas eucarióticas. La asignación de ubicación se basa en la presencia pedida de cualquiera de las pre-secuencias de terminal N: péptido transitorio de cloroplaso (cTP), péptido objetivo mitocondrial (mTP) o péptido de señal de ruta secretoria (SP). Las clasificaciones en las que se basa la predicción final no son realmente probabilidades, y no necesariamente se agregan a una. Sin embargo, la ubicación la clasificación mayor es más probable de acuerdo con TargetP, y la relación entre las clasificaciones (la clase de confiabilidad) puede ser una indicación de qué tan cierta es la predicción. La clase de confiabilidad (RC) varía de 1 a 5, en donde 1 indica la predicción más fuerte. Se mantiene TargetP el en servidor de la Universidad Técnica de Dinamarca.

20 25 Para las secuencias que se predice contiene una pre-secuencia de terminal N también se puede predecir un sitio de división potencial.

Se selecciona una serie de parámetros, tal como grupo de organismo (no planta o planta), grupos de corte (ninguno, grupo predefinido de cortes, o grupo de cortes específico de usuario), y el cálculo de predicción de los sitios de división (si o no).

30 Los resultados del análisis TargetP 1.1 de la secuencia de polipéptidos según se representa por la SEQ ID NO: 245 se presentan en la Tabla E5. El "grupo de organismo de planta se ha seleccionado, no se definen cortes, y la longitud predicha de la solicitud de péptido transitorio. La ubicación subcelular de la secuencia de polipéptidos según se representa por SEQ ID NO: 245 puede ser el citoplasma o núcleo, no se predice el péptido transitorio.

Tabla E5: TargetP 1.1 análisis de la secuencia de polipéptidos según se representa por SEQ ID NO: 245

Longitud (AA)	281
Péptido de tránsito cloroplástico	0.094
Péptido transitorio mitocondrial	0.166
Péptido de señal de ruta secretora	0.034
Otro objetivo subcelular	0.855
Ubicación predicha	/
Clase de confiabilidad	2
Longitud de péptido transitorio predicho	/

Cuando se analiza con PLOC (Park and Kanehisa, Bioinformatics, 19, 1656-1663, 2003) o con PSORT (URL: psort.org), se predice que la proteína tiene una ubicación nuclear. Se pueden utilizar muchos otros algoritmos para realizar dichos análisis, que incluyen:

- 5 • ChloroP 1.1 alojado en el servidor de la Universidad Técnica de Dinamarca;
- Predictor de Ubicación Subcelular de Proteína Prowler versión 1.2 alojado en el servidor del Instituto para Biociencia Molecular, Universidad de Queensland, Brisbane, Australia;
- Analista de Proteoma PENCE PA-GOSUB 2.5 alojado en el servidor de la Universidad de Alberta, Edmonton, Alberta, Canadá;
- 10 • TMHMM, alojado en el servidor de la Universidad Técnica de Dinamarca;

Ejemplo 6: Ensayo funcional para el polipéptido similar a bHLH11

Se proporciona de ensayo de unión a ADN para AtbHLH6 en Dombrecht et al. (2007), este método se puede utilizar para cualquier proteína similar a bHLH11. En resumen, se amplifica un fragmento 1000-bp de la secuencia codificante AtbHLH6 abarca codones 285 a 623 de ADN genómico y se clona en el vector pTacLCELD6-His digerido por NheI-BamHI (Xue, Plant J. 41, 638-649, 2005). La construcción resultante codifica los últimos 338 aminoácidos de AtbHLH6 (que incluye la región bHLH) de marco con la proteína indicadora CelD y una etiqueta 6xHis. Se verifican la amplificación correcta y clonación mediante secuenciamiento de ADN.

La determinación de la secuencia consensus del motivo de unión de ADN MYC2 y la afinidad de unión relativa de estos sitios se hace de acuerdo con Xue (2005), en donde una fusión de una proteína de unión a ADN (DBP) a la celulasa D marcada 6-His (CELD) sirve como un medio para purificación de afinidad del complejo DBP-ADN en la selección de los sitios de unión de un grupo de oligonucleóticos de secuencia aleatoria biotinilado y como un reportero para la medición de la actividad de unión de ADN.

Para la selección de los sitios de unión utilizando papel de celulosa como una matriz de afinidad, se incuba DBP-CELD a temperatura ambiente durante 1 h con 20 ng de un Bio-RS-Oligo marcado con biotina en 40 ml de regulador de unión/lavado (descrito anteriormente) que contiene 1 mM EDTA, 0.25 mg ml⁻¹ poli d(AC-TG), 1 mg ml⁻¹BSA y 10% de glicerol. Una cantidad apropiada de DBP-CELD crudo utilizado para la selección del sitio de unión es que logra 20-30 % de eficiencia de unión a celulosa relativa (porcentaje de actividad de celulosa unida a celulosa después de lavado). Las mezclas DBP-CELD/Bio-RS-Oligo se transfieren a microplaquetas de 96 pozos que contiene 1 filtro de papel Whatman (4 mm²) que se pre-enjuaga con 10 ml de solución de bloqueo [regulador de unión/ lavado que contiene 0.5 mg ml⁻¹poli d(AC-TG) y 10 % de glicerol]. Después de incubación a 0° C durante 1 hr con agitación gentil, el papel de celulosa se lava seis veces con regulador de unión/lavado que contiene 1 mM EDTA y 0.1 mg ml⁻¹ BSA. El uso de lavado extensivo en la selección del sitio de unión se basa en las observaciones de la estabilidad relativamente alta de complejo de DBP-oligonucleótido inmovilizado en la matriz sólida. El DBP-CELD que lleva sitios de unión objetivo se eluyen a 40° C durante 15 min con 40 ml de celulosa que eluye el regulador [10 mM HEPES, pH7, 50 mM KCl, 0.2 mM EDTA, 4 mM celobiosa, 0.05 mg ml⁻¹ BSA y 10 mg ml⁻¹ de un cebador específico de secuencia codificante SP-S]. El eluado se utiliza para amplificación PCR de los oligonucleótidos seleccionados. El producto PCR (0.1 ml) sin purificación se utiliza para la siguiente ronda de la selección del sitio.

Alternativamente, DBP-CELD etiquetado con 6-His (10-25 µg de proteína cruda) se incuba en 60 ml de regulador PNT (50 mM fosfato de sodio, pH8.0, 300 mM NaCl y 0.05 % de Tween 20) que contiene 10 mM imidazol y 350 µg de microesferas magnéticas de agarosa Ni-NTA (Qiagen) a temperatura ambiente durante 45-60 min con agitación gentil en mezclador de micro-tubo (Tomy Seiko Co., Tokyo, Japón). Los microesferas magnéticas Ni-NTA se recolectan al lado de los tubos al poner los tubos en un imán de 12 tubos (Qiagen). Las proteínas no unidas se retiran mediante lavado dos veces con 150-200 µl de PNT que contiene 20 mM imidazol y una vez con 60 ml de regulador de unión/lavado que contiene 2 mM MgCl₂, 1 mg ml⁻¹ BSA y 10 % de glicerol. Se suspenden glóbulos de lavado en 40 ml de regulador de unión /lavado que contiene 2 mM MgCl₂, 0.25 mg ml⁻¹ poli d(AC-TG), 1 mg ml⁻¹ BSA, 0.0025 % de Nonidet P-40, 10 % de glicerol y oligonucleótidos marcados con biotina (50 ng Bio-RS-Oligo o 1 ml de producto PCR amplificado de los oligonucleótidos previamente seleccionados). La suspensión se incuba a temperatura ambiente durante 1.5 h con agitación gentil en el mezclador de micro-tubo. Después de lavar cuatro veces (3-4 min cada lavado) con 150-200 µl de regulador de unión/ lavado que contiene 2 mM MgCl₂, 0.1 mg ml⁻¹ BSA y 0.0025 % Nonidet P-40, los glóbulos que llevan el sitio de unión objetivo BDP-CELD se resuspenden en 8 ml de 5mM Tris-Cl (pH 8.0)/0.5 mM EDTA que contiene 5 mg ml⁻¹ de un cebador específico de secuencia codificante (SP-S) y la suspensión se transfiere a un tubo limpio y se utiliza para amplificación PCR de oligonucleótidos seleccionados. El producto PCR (1 ml) sin purificación se utiliza para la siguiente ronda de selección del sitio.

Para ensayos EMSA, las proteínas DBP-CELD etiquetadas con 6-His se purifican utilizando glóbulos de agarosa magnéticos Ni-NTA utilizando un regulador de unión de alta exigencia (50 mM fosfato de sodio, pH 8.0, 1 MNaCl, 10 % de glicerol, 1 % de Tween 20 y 10 mM imidazol) y el resto del procedimiento siguiendo la instrucción del fabricante. Los oligo- nucleótidos sintéticos de doble hebra (30-45 fmol) marcados con digoxigenina en el extremo 3' se incuban con un DBP purificado (30-75 ng) en 15 ml de regulador de unión [25 mM HEPES/KOH, pH 7.0, 50 mM KCl, 0.5 mM DTT, 2 mM MgCl₂, 0.2 mg ml⁻¹ poli d(AC-TG), 0.3 mg ml⁻¹ BSA y 10 % de glicerol]. Después de incubación a temperatura ambiente durante 30 min, se separan los complejos DBP/DNA de sondas libres en 6 % de gel poliacrilamida en un regulador 40-mM Tris-acetato (pH 7.5) que contiene 5 mM Na acetato, 0.5 mM EDTA y 5 % de glicerol. Los complejos DBP/ADN y sondas libres en los geles después de electrofóresis se transfieren a una membrana Hybond Np. El anticuerpo anti-digoxigenina conjugado con fosfatasa alcalina y un sustrato quimioluminiscente, CDP-Star (Roche Diagnostics) se utiliza para la detección de digoxigenina de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Se proporcionan detalles adicionales en Xue (2005).

Ejemplo 7: Clonación de la secuencia de ácidos nucleicos utilizada en los métodos de la invención

30 La secuencia de ácidos nucleicos utilizada en los métodos de la invención y que comprende la SEQ ID NO: 244 se amplifica mediante PCR utilizando como plantilla una colección de cADN de plántulas *Triticum aestivum* hechas en forma habitual (en pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, UK). Se realiza PCR utilizando polimerasa de ADN Hifi Taq en condiciones estándar, utilizando 200 ng de plantilla en 50 ml de mezcla PCR. Los cebadores utilizados son prm009718 (SEQ ID NO: 254; codón de inicio, codificador en negrilla):

35 5'-ggggacaagttgtacaaaaaaggcaggctaaacaatggcgccccanccg-3' y prm009719 (SEQ ID NO: 255; inversa, complementaria):

5'-ggggaccacttgtacaagaaagctggtatgggttgcaagctgctgtt-3',

que incluye los sitios AttB para recombinación Gateway. El fragmento PCR amplificado también se purifica utilizando métodos estándar. La primera etapa de procedimiento Gateway, la reacción BP, luego se realiza, durante la cual el fragmento PCR se recombinan *in vivo* con el plásmido pDONR201 para producir, de acuerdo con la terminología Gateway, un "clon de entrada", como pbHLH11. El plásmido pDONR201 se compra Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.

45 El clon de entrada que comprende SEQ ID NO: 244 luego se utiliza en una reacción LR con un vector de destino utilizado para la transformación de *Oryza sativa*. Este vector contiene como elementos funcionales dentro de los límites de T-ADN: un marcador seleccionable de planta; un casete de expresión de marcador detectable; y un casete Gateway destinado para recombinación LR *in vivo* con la secuencia de ácidos nucleicos de interés ya clonada en el clon de entrada. Un promotor GOS2 de arroz (SEQ ID NO: 256) para expresión constitutiva se ubica en la dirección 5' de este casete Gateway.

50 Después de la etapa de recombinación LR, el vector de expresión resultante como pGOS2::bHLH11 (Figura 23) se transforma en la cepa *Agrobacterium* LBA4044 de acuerdo con los métodos bien conocidos en la técnica.

Ejemplo 8: Transformación de planta

Transformación de arroz

El *Agrobacterium* que contiene el vector de expresión se utiliza para transformar plantas *Oryza sativa*. Se descascaran semillas secas maduras de arroz Nipponbare cultivo iaponica. Se lleva a cabo esterilización mediante incubación durante un minuto en 70 % de etanol, seguido por 30 minutos en 0.2 % de HgCl₂, seguido por un lavado de 6 veces durante 15 minutos con agua destilada estéril. Las semillas estériles luego se germinan en un medio que contiene 2,4-D (medio de inducción de callo). Después de incubación en la oscuridad durante cuatro semanas, se cortan callos derivados de escutelo, embrionarios y se propagan en el mismo medio. Después de dos semanas, los callos se multiplican o propagan mediante subcultivo en el mismo medio durante otras 2 semanas. Se subculturian piezas de callo embrionario en medio fresco 3 días antes de co-cultivo (para reforzar la actividad de división celular).

- 5 10 La cepa de *Agrobacterium* LBA4404 que contiene el vector de expresión se utiliza para co-cultivo. Se inocula *Agrobacterium* en medio AB con los antibióticos apropiados y se cultiva durante 3 días a 28° C. Las bacterias luego se recolectan y se suspenden en medio de co-cultivo líquido a una densidad (OD₆₀₀) de aproximadamente 1. La suspensión luego se transfiere a un plato Petri y el callo se sumerge en la suspensión durante 15 minutos. Los tejidos de callo luego se transfieren secos sobre un papel de filtro y se transfieren a medio de co-cultivo solidificado y se incuban durante 3 días en la oscuridad a 25° C. Se cosechan los callos co-cultivados en medio que contiene 2,4-D durante 4 semanas en la oscuridad a 28° C en la presencia de un agente de selección. Durante este periodo, desarrolló rápidamente islotes de callos resistentes al crecimiento. Después de la transferencia de este material a un medio de regeneración e incubación a la luz, se libera el potencial embrionario y se desarrollan brotes en las siguientes cuatro a cinco semanas. Los brotes se extirparon del callo y se incuban durante 2 a 3 semanas en un medio que contiene auxina para la que se transfieren al suelo. Los brotes endurecidos se cultivan bajo alta humedad y días cortos en un invernadero.
- 15 20 25

Se generan aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes para una construcción. Los transformantes primarios se transfieren desde una cámara de cultivo de tejido a un invernadero. Después de un análisis PCR cuantitativo para verificar el número de copia del inserto de T-ADN, solo una única copia de plantas transgénicas que exhiben tolerancia al agente de selección se mantiene para cosecha de la semilla T1. Las semillas luego se cosechan tres a cinco meses después de trasplante. El método produce transformantes de sitio único en un índice de alrededor de 50 % (Aldemita and Hodges 1999, Chan et al. 1993. Hiei et al. 1994).

Transformación de maíz

- 30 35 40 Se realiza transformación de maíz (*Zea mays*) con una modificación del método descrito por Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. La transformación es dependiente del genotipo en maíz y solo son genotipos específicos susceptibles a transformación y regeneración. La estirpe cultivada A188 (Universidad de Minnesota) o los híbridos como A188 como un progenitor son buenas fuentes de material donante para transformación, pero se pueden utilizar otros genotipos también exitosamente. Se cosechan espigas de plantas de maíz aproximadamente 11 días después de polinización (DAP) cuando la longitud del embrión maduro está aproximadamente 1 a 1.2 mm.
- 45 50 55 Se co-cultivan embriones inmaduros con *Agrobacterium tumefaciens* que contiene el vector de expresión, y las plantas transgénicas se recuperan a través de organogenia. Los embriones cortados se cultivan en medio de inducción de callo y luego el medio de regeneración del maíz, que contiene el agente de selección (por ejemplo imidazolinona pero se pueden utilizar diversos marcadores de selección). Los platos Petri se incuban en la luz a 25 °C durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollan brotes. Los brotes verdes se transfieren desde cada embrión al medio de enraizamiento de maíz y se incuban a 25 °C durante 2-3 semanas, hasta que se desarrollan raíces. Los brotes enraizados se trasplantan al suelo en el invernadero. Las semillas T1 se producen de plantas que exhiben tolerancia al agente de selección y que contiene una copia única del inserto de T-ADN.

Transformación de trigo

- 45 50 55 Se realiza transformación de trigo con el método descrito por Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. El cultivo Bobwhite (disponible de CIMMYT, Mexico) se utiliza comúnmente en la transformación. Los embriones inmaduros se co-cultivan con el vector de expresión que contiene *Acrobacterium tumefaciens*, y las plantas transgénicas se recuperan a través de organogenia. Después de incubación con *Agrobacterio*, los embriones se cultivan in vitro en medio de inducción de callo, luego el medio de regeneración, que contiene el agente de selección (por ejemplo imidazolinona pero se pueden utilizar diversos marcadores de selección). Los platos Petri se incuban a la luz a 25 °C durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollan los brotes. Los brotes verdes se transfieren a cada embrión al medio de enraizamiento y se incuban a 25 °C durante 2-3 semanas, hasta que se desarrollan raíces. Los brotes enraizados se trasplantan al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 de plantas que exhiben tolerancia al agente de selección y que contiene una copia única del inserto de T-ADN.

Transformación de soja

- 55 Se transforma soja de acuerdo con una modificación del método descrito en la patente Estadounidense 5,164,310 Texas A&M. Diversas variedades comerciales de soja son susceptibles a transformación mediante este método. El cultivo Jack (disponible de la fundación Illinois Seed) se utiliza comúnmente para transformación. Las semillas de

soja se esterilizan para siembra *in vitro*. El hipocotiledóneo, el radículo y un cotiledón se extirpan de plántulas jóvenes de siete días de edad. El epicotilo y el cotiledón restante se cultivan adicionalmente para realizar nodos axilares. Estos nodos axilares se extirpan y se incuban con el vector de expresión que contiene *Agrobacterium tumefaciens*. Después de tratamiento de co-cultivo, los explantes se lavan y se transfieren al medio de selección.

- 5 Los brotes regenerados se extirpan y se ponen en un medio de elongación de brote. Se ponen brotes no mayores de 1 cm en medio de enraizamiento hasta que se desarrollan raíces. Las raíces enraizadas se trasplantan al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 de plantas que exhiben tolerancia al agente de selección y que contienen una única copia del inserto de T-ADN.

Transformación de colza/canola

- 10 Los pecíolos cotiledonarios e hipocotiledóneos de plántulas jóvenes de 5-6 días de edad se utilizan como explantes para el cultivo del tejido y se transforman de acuerdo con Babic et al. (1998, Plant cell Rep 17: 183-188). El cultivo comercial Westar (Agriculture Canada) es la variedad estándar utilizada para transformación, pero también se pueden utilizar otras variedades. Las semillas de canola se esterilizan en las superficies para siembra *in vitro*. Los explantes de pecíolo cotiledones con el cotiledón unido se extirpan de las plántulas *in vitro*, y se inoculan con *Agrobacterium* (que contiene el vector de expresión) al sumergir el extremo cortado del explante de pecíolo en la suspensión bacteriana. Los explantes luego se cultivan durante 2 días en medio MSBAP-3 que contiene 3 mol/l BAP, 3 % de sacarosa, 0,7 % de Phytagar a 23 °C, 16 hr de luz. Después de dos días de co-cultivo con *Agrobacterium*, los explantes de pecíolo se transfieren a medio MSBAP-3 que contiene 3 mg/l de BAP, cefotaxima, carbenicilina, o timentina (300 mg/l) durante 7 días, y luego se cultivan en medio MSBAP-3 con cefotaxima, carbenicilina, o timentina y agente selección hasta la regeneración del brote. Cuando los brotes tienen 5 - 10 mm de longitud, estos se cortan y se transfieren al medio de elongación de brote (MSBAP-0,5, que contiene 0,5 mol/l de BAP). Los brotes de aproximadamente 2 cm de longitud se transfieren al medio de enraizamiento (MS0) para inducción de raíz. Los brotes enraizados se trasplantan al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 de plantas que exhiben tolerancia al agente de selección y que contienen una copia única del inserto de T-ADN.

25 Transformación de alfalfa

- Un clon de regeneración de alfalfa (*Medicago sativa*) se transforma utilizando el método de (McKersie et al., 1999 Plant Physiol 119: 839-847). La regeneración y transformación de alfalfa es dependiente de genotipo y por lo tanto se requiere una planta regenerada. Se han descrito métodos para obtener plantas regeneradas. Por ejemplo, estos se pueden seleccionar del cultivo Rangelander (Agriculture Canada) o cualquier otra variedad comercial de alfalfa como se describe por Brown DCW y A Atanassov (1985. Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111-112). Alternativamente, la variedad RA3 (Universidad de Wisconsin) se ha seleccionado para uso en cultivo de tejido (Walker et al., 1978 Am J Bot 65:654-659). Se cocultivan explantes de pecíolo con un cultivo durante la noche de *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie et al., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) o el vector de expresión que contiene LBA4404. Los explantes se cocultivan durante 3 d en la oscuridad en medio de inducción SH que contiene 288 mg/ L de Pro, 53 mg/ L de tioprolina, 4,35 g/ L de K₂SO₄, y 100 µm acetosiringinona. Los explantes se lavan en medio Murashige-Skoog de resistencia media (Murashige and Skoog, 1962) y se ponen en placas en el mismo medio de inducción SH con acetosiringinona pero con un agente de selección adecuado y antibiótico adecuado para inhibir el crecimiento de *Agrobacterium*. Después de varias semanas, se transfieren embriones somáticos al medio de desarrollo BOi2Y que no contiene reguladores de crecimiento, sin antibióticos, y 50 g/ L de sacarosa. Los embriones somáticos se germinan posteriormente en medio Murashige-Skoog de resistencia media. Se trasplantan plántulas enraizadas en macetas y se cultivan en un invernadero. Se producen semillas T1 de plantas que exhiben tolerancia al agente de selección y que contienen una copia única del inserto T-ADN.

Transformación de algodón

- 45 Se realiza transformación de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) utilizando *Agrobacterium tumefaciens*, en explantes hipocotiledóneos. Los cultivos comerciales tal como Coker 130 o Coker 312 (SeedCo, Lubbock, TX) son variedades estándar utilizadas para transformación, pero también se pueden utilizar otras variedades. Las semillas se esterilizan en la superficie y se germinan en la oscuridad. Los explantes hipocotiledóneos se cortan de plántulas germinadas a longitudes de aproximadamente 1-1,5 centímetros. El explante hipocotiledóneo se sumerge en el inóculo *Agrobacterium tumefaciens* que contiene el vector de expresión, durante 5 minutos luego se cocultivan durante aproximadamente 48 horas en MS +1,8 mg/l KNO₃ + 2 % de glucosa a 24° C, en la oscuridad. Los explantes se transfieren al mismo medio que contiene marcadores seleccionables de planta y bacterianos apropiados (renovados varias veces), hasta que se ven callos embriogénicos. Los callos se separan y subcultivan hasta que aparecen embriones somáticos. Las plántulas derivadas de embriones somáticos se maduran en medio de enraizamiento hasta que se desarrollan raíces. Los brotes enraizados se trasplantan de la maceta al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 de plantas que exhiben tolerancia al agente de selección y que contienen una copia única del inserto de T-ADN.

Ejemplo 9: Procedimiento de evaluación fenotípica

9.1 Configuración de evaluación

Se generan aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes. Los transformantes primarios se transfieren desde una cámara de cultivo de tejido a un invernadero para siembra y cosecha de la semilla T1. Se retienen seis eventos, de los que la progenie T1 segregá 3:1 para presencia/ausencia del transgen. Para cada uno de estos eventos, aproximadamente 10 plántulas T1 que contienen el transgen (hetero- y homo-zigotos) y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecen del transgen (nulizogotos) se seleccionan al supervisar la expresión visual del marcador. Las plantas transgénicas y los nulizogotos correspondientes se cultivan lado a lado en posiciones aleatorias. Las condiciones de invernadero son días cortos (12 horas luz), 28° C a la luz y 22° C a la oscuridad, y una humedad relativa de 70 %. Las plantas que se cultivan bajo condiciones de cero estrés se hidratan en intervalos regulares para asegurar que el agua y los nutrientes no se limiten para satisfacer las necesidades para completar el crecimiento y desarrollo.

Desde la etapa de siembra hasta la edad de madurez las plantas se pasan varias veces a través de una cabina de formación de imágenes digital. En cada punto de tiempo se toman imágenes digitales (2048 x 1536 pixeles, 16 millón de colores) de cada planta desde por lo menos 6 ángulos diferentes.

15 Detección de sequía

Se cultivan plantas a partir de semillas T2 en suelo de maceta bajo condiciones normales hasta que alcanzan la etapa de partida. Luego se transfieren a una sección "seca" en donde se retiene la irrigación. Se insertan sondas de humedad en macetas seleccionadas aleatoriamente para supervisar el contenido de agua en el suelo (SWC). Cuando SWC está por debajo de ciertos umbrales, las plantas se rehidratan automáticamente continuamente hasta que se alcanza de nuevo un nivel normal. Las plantas luego se transfieren de nuevo a condiciones normales. El resto del cultivo (maduración de planta, cosecha de semilla) es igual para las plantas que no se cultivan bajo condiciones de estrés abiótico. Los parámetros de cultivo y producción se registran según se detalla para el cultivo bajo condiciones normales.

Detección en la eficiencia de uso de nitrógeno

25 Se cultivan plantas de arroz a partir de semillas T2 en suelo de maceta bajo condiciones normales excepto para la solución de nutrientes. Estas macetas se hidratan desde el trasplante hasta la maduración con una solución de nutrientes específica que contiene contenido reducido de nitrógeno N (N), usualmente entre 7 a 8 veces menos. El resto del cultivo (maduración de planta, cosecha de semilla) es igual para las plantas que no se cultivan bajo estrés abiótico. Se registran los parámetros de cultivo y producción como se detalla para el cultivo bajo condiciones normales.

Detección de estrés por sal

30 Se cultivan plantas en un sustrato hecho de fibras de coco y argex (relación 3 a 1). Se utiliza una solución de nutrientes normal durante las primeras dos semanas después de trasplantar las plántulas en el invernadero. Despues de las primeras dos semanas, se agrega 25 mM de sal (NaCl) a la solución de nutrientes, hasta que las plantas se cosechan. Los parámetros relacionados con semilla luego se miden.

9.2 Análisis estadístico: prueba F

40 Se utiliza ANOVA de dos factores (análisis de variantes) como un modelo estadístico para la evaluación general de características fenotípicas de planta. Se lleva a cabo una prueba F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los eventos transformados con el gen de la presente invención. La prueba F se lleva a cabo para revisar un efecto del gen sobre todos los eventos de transformación y para verificar un efecto general del gen, también conocido como un efecto global del gen. El umbral de significancia para un efecto global del gen verdadero se establece a un nivel de probabilidad de 5 % para la prueba F. Los puntos de valor de la prueba F significativa para un efecto de gen, significa que es solo la única presencia o posición del gen que provoca las diferencias en el fenotipo.

45 9.3 Parámetros medidos

Medición del parámetro relacionado con biomasa

50 A partir de la etapa de siembra hasta la etapa de madurez las plantas se pasan varias veces a través una cabina de formación de imágenes digital. Se toman imágenes digitales en cada punto de tiempo (2048 x 1536 pixeles, 16 millones de colores) de cada planta desde por lo menos 6 ángulos diferentes. El área subterránea de la planta (o biomasa frondosa) se determina al contar el número total de pixeles en las imágenes digitales de partes de planta subterráneas discriminadas del fondo. Este valor se promedia para los dibujos tomados en el mismo punto de tiempo

desde los diferentes ángulos y se convierte a un valor de superficie física expresado en mm cuadrado por calibración. Los experimentos muestran que el área de planta subterránea medida de esta forma se correlaciona con la biomasa de partes de planta por encima del suelo. El área por encima de la tierra es el área medida en el punto de tiempo en el que la planta alcanza su biomasa frondosa máxima. El vigor temprano es el área encima del suelo de planta (plántula) tres semanas post-germinación. El aumento en el biomasa de raíz se expresa como un aumento en biomasa de raíz total (medido como la biomasa máxima de las raíces observadas durante la vida útil de una planta); o como un aumento en el índice de raíz/brote (medido como la relación entre la masa de raíz y la masa de brote en el periodo de crecimiento activo de raíz y brote).

Se determina el vigor temprano al contar el número total de pixeles desde las partes de planta encima del suelo discriminadas del fondo. Este valor se promedia para las fotografías tomadas en el mismo punto de tiempo de diferentes ángulos y se convierte a un valor de superficie física expresado en mm cuadrados mediante calibración. Los resultados descritos adelante son para las plantas tres semanas post-germinación.

Mediciones de parámetro relacionadas con semilla

Las panículas primarias maduras se cosechan, se cuentan, se embolsan, se marcan con código de barras y luego se secan durante tres días en un horno a 37° C. Luego se desgranan las panículas y todas las semillas se recolectan y se cuentan. Las cáscaras llenas se separan de las vacías utilizando un dispositivo de soplado de aire. Las cáscaras vacías se descargan y la fracción restante se cuenta de nuevo. Las cáscaras llenas se pesan en un balance analítico. El número de semillas llenas se determina al contar el número de cáscaras llenas que permanecen después de la etapa de separación. La producción total de semilla se mide al pesar todas las cáscaras llenas cosechadas de una planta. Se mide el número total de semilla por planta al contar el número de cáscaras cosechadas por planta. Se extrae el peso de grano en miles (TKW) del número de semillas llenas contadas y su peso total. El Índice de Cosecha (HI) en la presente invención se define como la relación entre la total producción de semilla y el área encima del suelo (mm^2), multiplicado por un factor 108. El número total de flores por panícula como se define en la presente invención es la relación entre el número total de semillas y el número de panículas primarias maduras. El índice de llenado de semilla como se define en la presente invención es la proporción (expresado como un %) del número de semillas llenas sobre el número total de semillas (o flores).

Ejemplo 10: Resultados de la evaluación fenotípica de las plantas transgénicas

Los resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénico expresan un ácido nucleico similar a *bHLH11* bajo condiciones de cero estrés se presentan adelante. Se observa un aumento de más de 5 % en por lo menos 2 estirpes para la producción total de semilla, número de semillas llenas, índice de llenado, índice de cosecha, número de primeras panículas y de por lo menos 3 % por peso de grano en miles. Los datos en el aumento general (medido sobre todas las estirpes probadas) para cada parámetro se presentan en la Tabla E6:

Tabla E6:

Parámetro	Aumento general (%)
Pérdida total de semillas (producción de semilla total)	20
Número de semillas llenas	20
Índice de llenado	18
Índice de cosecha	21

REIVINDICACIONES

1. Un método para aumentar la producción de semilla en plantas con relación a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media, en donde dicho polipéptido similar a bHLH-11 comprende un dominio de Hélice-Bucle-Hélice, y uno o más de los siguientes motivos:
- (i) Motivo 1 (SEQ ID NO: 246);
- (ii) Motivo 2 (SEQ ID NO: 247);
- (iii) Motivo 3 (SEQ ID NO: 248);
- (iv) Motivo 4 (SEQ ID NO: 249);
- 10 (v) Motivo 5 (SEQ ID NO: 250);
- (vi) Motivo 6 (SEQ ID NO: 251);
- (vii) Motivo 7 (SEQ ID NO: 252).
2. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde dicho aumento en la expresión se efectúa al introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11.
- 15 3. Método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 codifica una cualquiera de las proteínas enumeradas en la Tabla E1 o es una parte de dicho ácido nucleico capaz de hibridar con dicho ácido nucleico.
4. Método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde dicha secuencia de ácidos nucleicos codifica un ortólogo o parálogo de cualquiera de las proteínas dadas en la Tabla E1.
- 20 5. Método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en donde dicha producción de semilla aumentada se obtiene bajo condiciones de cero estrés.
6. Método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 2 a 5, en donde dicho promotor constitutivo de fuerza media es un promotor GOS2, preferiblemente un promotor GOS2 de arroz.
- 25 7. Método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 es de origen de planta, preferiblemente de una planta monocotiledónea, adicionalmente preferiblemente de la familia de las Poáceas, más preferiblemente del género *Triticum*, más preferiblemente de *Triticum aestivum*.
8. Planta o parte de la misma, que incluye semillas, que se pueden obtener mediante un método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde dicha planta o parte de la misma comprende un ácido nucleico recombinante que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define en la reivindicación 1.
- 30 9. Construcción que comprende:
- (i) ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define en la reivindicación 1;
- (ii) Una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (i), en donde dicha una o más secuencias de control comprenden un promotor constitutivo de fuerza media; y opcionalmente
- 35 (iii) Una secuencia de terminación de transcripción.
10. Construcción de acuerdo con la reivindicación 9, en donde dicho promotor constitutivo de fuerza media es un promotor GOS2, preferiblemente un promotor GOS2 de arroz.
- 40 11. Uso de una construcción de acuerdo con la reivindicación 9 o 10 en un método para elaborar plantas que tienen producción de semilla aumentada con relación a plantas de control.

12. Planta, parte de planta o célula de planta transformada con una construcción de acuerdo con la reivindicación 9 o 10.
13. Método para la producción de una planta transgénica que tiene producción de semilla aumentada con relación a plantas de control, que comprende:
 - 5 (i) introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define en la reivindicación 1, en donde dicho ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media; y
 - (ii) cultivar la célula de planta bajo condiciones que promueven el crecimiento y desarrollo de la planta.
- 10 14. Planta transgénica que tiene producción de semilla aumentada, con relación a plantas de control, que resulta de la expresión aumentada de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define en la reivindicación 1, en donde dicho ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media, o una célula de planta transgénica derivada de dicha planta transgénica.
- 15 15. Planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 8, 12 o 14, o a célula de planta transgénica derivada de la misma, en donde dicha planta es una planta de cultivo o monocotiledónea o un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, triticale, sorgo escanda, espelta, secale, escaña, teff, sorgo y avena.
16. Partes cosechables de una planta de acuerdo con la reivindicación 15 que comprende una construcción de acuerdo con la reivindicación 9 o 10, en donde dichas partes cosechables son preferiblemente semillas.
- 20 17. Uso de un ácido nucleico que codifica un polipéptido similar a bHLH11 como se define en la reivindicación 1, en donde dicho ácido nucleico está bajo el control de un promotor constitutivo de fuerza media para aumentar la producción de semilla en plantas, con relación a plantas de control.

MAGQPPQGPEDDFLDQFFSLNSLSAAGRPSGDQPFSLA

---1---

LSLDAASDASGSRG**GIGDDAGNAERDGVQLPGLFPPVF**

GGGLQPPHLRPSHPPPQM**FHAQQPKQGGPAGGPQPPAPR**

PKVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMRALQELVPNT

-----2-----

NKTDRAVMLDEILDYVKFLRLQVKVLSMSRLGGAGAVAQ

-----4-----|---5---

LVSDIPLSVKGEASDGGSKQQIWEKWSTDGTEKQVAKLM

DEDIGAAMQFLQSKALCMMPVSLAMAIYDTQHSQDGQPV

--6-----

KPEPNNTA

FIGURA 1

ES 2 403 281 T3

Alineación de secuencia múltiple CLUSTAL 2.0.3

AT22G24260
 AT4G30880
 AT5G58810
 TA12416
 TR5414
 TC2205173
 GSVIVY00017237001
 TCT102
 TC34455
 TC7103
 TA37666
 TC67603
 OS06908500
 OS0295250
 OS09g25040
 TR2544
 DV982110
 WO051050seqID516
 AT4G02590
 TC10015_part
 AT1IG03040
 TA13791
 TC60118
 TC60119
 TC61833
 TA3392
 WO051050seqID1671
 PT-TC63334
 TR3263
 PT_scaff_II.416
 TA2825
 TC2207545
 TC2229602
 TA46156

FIGURA 2

AK247217	MANNP-----
TA30646	MANNP-----
TC8633	MANNP-----
TC15501	MANNP-----
TA1140	MANNN-----
TA3490_part	MSTDP-----
CK293938	MATDP-----
TC12771	MATINQ-----
TC172581	MATINQ-----
TA28621	MAANQ-----
TA21665	MAANQ-----
TA46194	MADNP-----
DY268946	MATNP-----
CO123623	MATNP-----
Pt_scaff_70.65	MAGNP-----
Pt_scaff_XIII_403	MAGNP-----
TA1616	MAGNP-----
TA55042	MAGNP-----
W0051050seqID77	MAGNS-----
TC3698	MAGSN-----
Os01g58330	MASNN---NP
TA139285	MAGQQ-----
TabHLH11	MAGQP-----
TC104646	MAGQP-----
TA126400	MAGQP-----
Os07g08440	MAGQQ-----
Os02g35660	MGGFAYPTTPSPAWSRDAVEAGSPWAAGG
DT543504	MDEYLDHLFSSTSWSDVNVREGSSWICGEPSQTNGMLSDSIGIYE GDKRNNSPVGMTNSNL
Pt_scaff28.86	-MISSNQ
GSV1VT00016367001	-MIS
TC19278	-MNYSDGSEFFSWPGNSASENYSFDGSVESYTEEGSMPTGYFR-ARSNQNLTFDEHEQ
TA14134	-MDYSGASGYM-WPGNSGSENYNFVDGSESSEYAEGLPPSGYFMGAGSDRSLKITER
TC66930	
TC140470	
TC223044	
Os06g09370	

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

AT2G24260
 AT4G30980
 AT5G58010
 TA1416
 TA514
 TC25173
 GSV1VT00017237001
 TC7102
 TA3455
 TC7103
 TA37666
 TC67603
 Os0908500
 Os0955250
 Os0925040
 TA2344
 DV922110
 WO051050seq10516
 AT4G02590
 TC10015_Part
 AT1003040
 TA13791
 TC60118
 TC60119
 TC61833
 TA3392
 WO051050seq101671
 Pt_TC63334
 TAj263
 Pt_scaff_II_416
 TA2125
 TC207545
 TC229602
 TA46156
 AK217217

```

-----TTFDHEDFLDQI斐SSAPWP-----  

-----ATFDHDDFLHHIFSTPWP-----  

-----NNDEFFLDSMMMLSSLP-----  

-----EQQSQIHOSATEOPT-SQDDFLEQMISSLPSCS--WTDLKSPMGVVVDL  

-----EQQSQIHOSATEOPT-SQDDFLEQMISSLPSCS--WTDLKSPMGVVVDL  

-----MILSTLPSWSOLPANPKPEWEINAS  

-----QYDPTSSHDDFLDQIISVSPSSSICWPDLSESW-----  

-----NGGGGGSTGGVGGLGQHNMGHFHDPPTSSHDDFLEQIISVSPSSSP-WPDLSKSW-----  

-----MMSHSHDPPTSSHDDFLQOQLIISVSPSSSP-WPDLSSEG-----  

-----HISHSHHDPSSSHDDFLQOQLIISVSPSSSP-WPEISCGC-----  

-----GRHRHHHQIHVUPSSSQIQPTPSTTHDSDFLEQIISVSPSSSF--WSDETGP-----  

-----GEG-TQDFFFDQMLSTLP-SANADLGGG--GGGAAG-----  

-----GGGGGGQDDFFDQMLSTLP-AVISELGSGRPAWDLTA-----  

-----NAGGGGGVHDDFLDOMLSSLPPSAMPDLAAGRAEADDAE-----  

-----QNGGGGAQNDFFEQTMGFSTAAAP-ELGPRLFGA-----  

-----YDDSQFLANRLRQHDSLGNSSMNQTPNQASOGINETNT-----  

-----NLSDQTPSDDOFFEQIIGLPNFSAASSAAGLGVDDGLGG-----  

-----HASETPSDDOFFEQIIGLPNFSASSS-----DGGIGG-----  

-----SISDPSPTDdffEQIIGLPNFSGSGSG-----LSIGGG-----  

-----NES-PADDLEQIIGLSHFAPET-GLAGPDGRLSG-----  

-----NEAAPAADDFLQEOLIGLPNFAPSET-GLAGSDAGLAA-----  

-----NEA-SADDFFLEQIIGLPNFAPSET-GLAGPDGGLTG-----  

-----NEASSTDFFLEQIIGLPNFGSRES-GLAASDGGLA-----  

-----SDGASDEFLEHLIGLPNFARAEAGLAPGDGTLG-----  

-----TEPPTODFLQEILGMPNFASEAG-LVGADAGLAG-----  

-----TEPPADDFLQEILGMPNFASEAG-LVGADAGLAG-----  

-----TEPFPTDFLQEILGMPNFASEAG-LVGADAGLAG-----  

-----TEPPADDFLQEILGLPNFASADAAGLVGADGALA-----  

-----SEAPADDFFLEQIIGIPTYPADP-----NLAA-----  

-----SEGPSDDFFDQIIGFPAYNGEP-NLAGNDAGAIP
  
```

FIGURA (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

TA30646	SEGPDDDEFQIMGFAYNGET-NLAGNDAGIP
TCB833	SEGP-DDEFDQDQLGFPAYNGET-NLAGSDAGIP
TC15501	NPTEGLTDDEFQDLQILISYG---AHEGNLAGDNLAG
TA1140	PEGY-GDDEFLEQLAIAPSIN---
TA3490_Part	PEGY-GDDEFLEQLAIAPYN---
CK293938	PEGY-ADEFLQQLAIAPSY---
TC12771	PEGY-ADEFLQQLAIAPSY---
TC172581	PEGY-ADEFLQQLAIAPSY---
TA28621	PEAY-ADEFLQQLAIAPSY---
TA21665	PEVVAADDFLEQLAIAPSY---
TA46194	PEGY-ADEFLQQLAIAPSY---
DY268946	MFLQJGSGGPSPGNG
CO123623	-----
Pt_scaff_70_65	-DSC-----
Pt_scaff_XIII_403	PEGLGDDFEQLAQPPGIGG-----EA
TA1616	PEGLGDDFEQLAQAAOPPGIGG-----GEV
TA55042	PEGLGDDFEQLAQWP-GYGGDG----GGGDV
W0051050seqID77	GSEGUGDDFEQLAVPAGTIG-----
TC31698	PQEGLGDDFEQLAVPAGTGS-----TPM
Os01g58330	QPDSGLNDOFFDQ1FSMSAFARS-----
TA339285	PQQGPEDDEFDQFSLTS--SP-----
TabHLH1	PQQG--PEDDEFDQFSLTAGST-----
TC104646	PPGG--PEDDEFDQFSLTN-----
TA126400	PPGG-SEDDEFLEHFFAFPSAASA-----
Os07g08440	PPSGA--SEDDEFLEHFFAFPSAASIG-----
Os02g35660	PTGG-AEDDEFDHFFSIPSAAA-----
DT54J504	VSSIAAIVSYGAVIDEEAFLGKTPASSSTARLHEQQQLLE
Pt_scaff28_86	SVESLATQDITSSVVLSSESDYAVDKVLISEQRLQNDQNCNQNPQPDGMARGNIKFGNT
GSV1V00016367001	MIEGLVLTQDITSSIVLGESDHGLGKLLERAPRQDQNTEGNNSINGAVNGSSEVGIV
TC19278	-----
TA14134	-----
TC68930	NPAMLANGCLPYNTQTDLSGEIISDKPSNSLVEISQLQNNVCLQNNLIPPGTLQCNST
TC140470	-----
TC253044	NPTMLANGCLPYNTQAHPLSGQ1LPKGBLPNNLIDLQQLQNSNURSNSIIPPGVLCNST
Os06g09370	-----

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

AT2G24260	-----SVVDDAAHPLPSD-----GFHG
AT4G30980	-----SVLDDDTPPPSSDCAPVTGFHH
AT5G58010	-----PCWDFSLPPPPP-----
TA12416	-----NPNNNNNNNNKOPRDLSDETAPSTQENNVPGFQDESMILASKMRHOHQISGNTGS-G
TA5414	-----NPNNNNNNNNKOPRDLSDETAPSTQENNVPGFQDESMILASKMRHOHQISGNTGS-G
TC205173	-----NPNNNNNNNNKOPRDLSDETAPSTQENNVPGFQDESMILASKMRHOHQISGNTGS-G
GSV1VT00017237001	-----NPNNNNNNNNKOPRDLSDOTTPSNBDN-----VQFADESAMLSKLRLHQHIS-----G
TC1102	-----DPHHHHHLSPPLPPNPPSGDDHQLPPRNPLQ-HFOYDQDQSSELAALKRLHQHQTGGGGG
TA34455	-----DPHHHLSSSP--PHNPSGEDQ--PPENPLHSQFYHDQGASSLIAKSRLRHOHQITGGG-----
TC7103	-----DGH-----FDD-QSIVFASKLRLRHOHQITGGG-----
TA37666	-----HPYN-----FDHQSTLLASLSKLRLHQINGSS-----
TC61603	-----NPEDNNNAG-----FNDDEMVLASLSKLRLHQHQTGGAAAG-N
Os06g08500	-----KSPMEVDPA-----AAAASQVFEDSALLASRLRHOHQIGGACGGG
Os02955230	-----GAVGGGGGAS-----DDHSAAAFFDSALLASRLRHOHQID-----GGG
Os09g25040	-----G-MHHHHHHQO-----QQQFGGPIDESAMLAASRLRHOHQISGGGGGG
TR2544	-----RSSEESPDDE-----GLNYAAPPYGGSSSIIASRHRMHLGT-----SPA
DV982110	-----SPGRSMVQLS-----TGSASASOLLASMGNSNPRGTAVMTQSPSTG
W0051050seqID516	-----G-----APPMMLQLGSCEEG-----
AT4G02590	-----GG-----APPMMLQLGSCEEG-----
TC10015_part	-----VG-----PPPMMLQLGSNEG-----
AT1G03040	-----VG-----AGAPMLLQLSSGGT-----
TA13791	-----NATT-----AGAPMLLQLSSGGT-----
TC60118	-----NATT-----AGAPMLLQLSSGGT-----
TC60119	-----TAAG-----AGAPMLLQLSSGDGA-----
TC61833	-----TTAG-----AGTPMLLQLSSGDGA-----
TA3192	-----VT-----AGSPMMIQLSSGDGS-----
W0051050seqID1671	-----VT-----ATPMMIQLGSGDGSGHGHGH
Pt_TC63334	-----AAA-----AQASMMLQLSSGDGS-----
TA3263	-----AAA-----AQASMMLQLSSGDGS-----
Pt_scaff_II_416	-----TAS-----VQAPMMIQLSSGDGS-----
TA3825	-----TAS-----TPMMIQLSSGDGS-----
TC207545	-----NDVN-----MMIQLNSGDA-----
TC229602	-----LAAAPMVQLGSGECS-----
TA46156	-----AK247217-----PAMMLQLNSGDGS-----

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

TA30646	PAMMLQINSGDGS-----
TC8633	PAMLLQINSGDAS-----
TC15501	PGGSMALQSSGGD-----
TA1140	-CCLPVNTADSTGSET-----
TA3490	-IA-----
CK293938	-GCLPGNTTDANASET-----
TC12771	-AGLPPVADGTSET-----
TC172581	-AGLPPVADGTSET-----
TA28621	-SGLP-VADGTPSET-----
TA21665	-SGLP-VADGTPSET-----
TA46194	-ASLP-VTDITAGASS-----
DY268946	-GDHPNMYUGTGSTMVL-----
CO123623	GGATSAADIRSLA-----
Pt_scaff_70_65	GGG-----FR---
Pt_scaff_XIII_403	-SLPMMGLQIQLSSAAANGLMRSS-----
TA1616	-SLPMMGLQIQLSCAGNVGLRNS-----
TA55042	-MPPMMGLQIQLSSASSGGGLRT-----
W0051050seqID77	-MLQIQLSTTGAPRGAS-----
TC3698	-GSRGRRGVEDGGRRGGGLRQG-----
Os03958330	-ASTDATEANLYADSS-----
TA139285	-PGAAAPGG-RAAGDQ-----
TabHLH11	-PGATAGGRAPGDQ-----
TC104646	-SLSAAG-RPSGDQ-----
TA126400	-AAGGHAGZAGGDH-----
Os07908440	-AAGGHAGMVGVDH-----
Os02935660	-GAGGVGGFGSGDH-----
DT543504	AELLRHGDGIG-----
Pt_scaff28_86	FAAMDDGGAAMLGAEPCAMPATDGGPPVICSSS-----
GSVIVT00016367001	GIQCNGLILPVLSSLNY--PNQLPIVGDLT-SYLFSESEAISNAGCNGREQSEYLRLSK-----
TC19278	GIQLNTPTSPCSLDIGSPKQLIIGMRSRRPFTELDHVGNCNGRPNSDFQRSVIG-----
TA14134	-MDDIFDOLLSSSWE-----
TC68930	-MLARENRSGDTEHD-----
TC140470	-PGTFDLQLDTPLGLLEPHALSSSIESNGSEVAFLADQAVSSASTLCSTFQNVPYSMEP-----
TC253044	-MLLCSTIQVQ-----
Os06909370	SGTFDAKLDTPGLAELPHALSSSIDSNNGSDISAFLADDVHASSAPTCASFQNYSSFMEP-----

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

AT22G24260
 ATAGC30980
 ATAGG58010
 TR12416
 TA5414
 TC205173
 GSIVT00017237001
 TC7102
 TR34455
 TC7103
 TA37666
 TC67603
 Os06g08500
 Os02g955250
 Os09g25040
 TA2544
 DU982110
 DU0051005eetID516
 A14G02590
 TC10015_Past
 AT1G03040
 TR113791
 TC60118
 TC60119
 TC611833
 TR3392
 WO0051050eetID1671
 PT_TC63334
 TR3263
 Pt_scaff_II_416
 TA2825
 TC207545
 TC229602
 TR46156
 AR427217

HDVDSRNRQPIIMMPLNDG-----
 HDAD5RNRQ-ITMIPLSHN-----
 NNNSSAAKFMQQQQQQQ-----
 NNNSSAAKFMQQQQQQQ-----
 -MLHOHLR-----
 NSSAAKSALMLQQQLLSSRGYAMGRSPNSNGSAGESGLQ-----
 DAVAAKALLLQQQLLSS-----
 -AAAARKAALMLQQQLLSS-----
 -GGAAAARKAALMLQQQLLSS-----
 -AAAARKAALMLQQQLLSS-----
 PFAAMKMLMMQOQQQQ-----
 EKP-----
 -VNLQISELHR-----
 DKP-----
 -IMLQISDLHR-----
 GGAANWKQMVILQQLADLRQGHMM-----
 DSS-----
 -MFLOQGQIILHP-----
 DU982110
 GSCNQSDGGMPLPSLG-----
 -SHMGGLGGSSGP-----
 -GHMGGJLGG-----
 -HNHMGAIGGGP-----
 -GHIGIAIGGG-----
 -GHIGIAIGGG-----
 -AHIGGIGGGG-----
 -SHLGGIGGGG-----
 -SHISALEGGVS-----
 GHGHGQGH SALGGAGAGGGGG-----
 -GHISDLGG-APGGGS-----
 -GHISDLGG-APGGGS-----
 -GHISALGG-APGGGG-----
 -NHITALGGGGGGGG-----
 THLA-----
 PT_TC63334
 TR3263
 Pt_scaff_II_416
 TA2825
 TC207545
 TC229602
 TR46156
 AR427217

-IMMAAARGGIG-----
 -IMMAAARGGIG-----
 -DSGLIN-----
 -LPLSLNSNGDSCLV-----
 -RTLAGNLR-----
 -RTLAGNLR-----
 -RGLLAG-----
 -RG1AGN-----
 -QMLRAZPT-----
 -QAG-----
 -HHGLAAGDSSGJAG-----
 -FLPLSLFADS-----
 -LQGLGGRSPAGGGGGDGGLLPLTLGSGGS-----
 -TAG-ASGGESGGFLR-----
 -MLPAPLISL-----
 -QAGKSGDMN-----
 -QAGKSGDN-----
 TGFHNQ-----
 -SGFHNQ-----
 VGFHNQ-----
 -GAEHGO-----
 -GAEHGO-----
 -GAFHGQ-----
 -GAFHGQ-----
 -GAFPGQ-----
 -SYHGQ-----
 -GGGGYHGA-----
 -AGFHG-----
 -AGFHG-----
 -AGFHG-----
 -AGFHG-----
 SFHAP-----
 -GYQGT-----
 -GHIAG-----
 -SOFTGVGLVGGLG-----
 -FFFPLGLRLRLEOK-----
 -GGG-FHGHHG-----
 -GGSPPLGLSLEQK-----

FIGURA (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

TA30666 GQFTGCVLGVLG ----- GGG-FHGGG ----- GASFPLGLSLEQKG--
 TC8633 GQFSGMGLGVGLG ----- GGGFENHPSQ ----- SGSPFLGLSLEGGK--
 TC15501 ITGSGGYHHHQHQHH ----- HQLSGGGG ----- EPLGLSLEQSGK--
 TA1140 VSVHHQOQ ----- QPQQQLQ ----- PQKFPLGLSLONGRET
 TA3490 VSVHROQO ----- QQQ ----- PVPLPLGLSLONGRET
 CK29393_8 TSFTSAS ----- AAGLQ ----- QPLFPFLGLSLENGRDD
 TC12771 TSFTSSVA ----- RAAGLQ ----- QPLFPFLGLSLONGRDD
 TC172581 TSFTSASAVSHIN ----- SAAAGLQ ----- QPLFPFLGLSLONGRDD
 TA28621 TSFTSASAVSHIN ----- SAAAGLQ ----- QPLFPFLGLSLONGRDD
 ENSTGVS ENSTGVS ----- QLQQ ----- QPLFPFLGLSLONGFAD
 MG_15GMMPFLGLNLHS ----- HVAGGFQ ----- GPVFPLGLSLESQIP
 DY26694_6 QLSSGDSS ----- FLRQE ----- DRSNSNNNNNNNTNA-
 CO123623 GIGMMPFLGLNLHS ----- FLR-HE ----- DGVVYDNNNNNNNASC-
 TA21665 AN_-NNNGMMPLGLNLNEHG ----- FLRQQ ----- DDGSSSLDTNNSNNN-
 TA46194 AN_-NNNGMMPLGLNLNEHG ----- FLRQQ ----- DDGSSSLDTNNSNNN-
 CO123623 PT_scaf_f_70..65 TA1616 _-NNNGMMPLGLNLNEHG ----- FLRQQ ----- EDGSGALDNNTHTN-
 TA46194 PT_scaf_f_XIII..403 TA1616 _-GLMPFLGLNLNEQA ----- FLRHVN ----- VDDDVVHVNVYDDATIH
 DY26694_6 _-NGYMMPLGLNLNEQS ----- LFRHED ----- VENSTSASSSTISAIN-
 CO123623 _-TTGVP----- MFSLGLSLDQQPKP-
 TA21665 _-PFSLALSDDAAAAA-
 TA13925 _-PFSLALSDDAAAAA-
 TabHLH1 _-PFSLALSDDAASDA-
 TA10464 _-PFLALSLDDAAAE-
 TA12640 _-PFLALSLDDAAAE-
 Os07908440 _-PFLALSLDDAAAE-
 Os02935660 _-PFLALSLDDAAAE-
 DT513504 _-PFLALSLDDAAAE-
 TA13925 Pt_scaf_f_28..86 GSVIYVT00016367001
 TA10464 Pt_scaf_f_28..86 GSVIYVT00016367001
 TA14134 TC15278
 TA14134 DINGAD ----- RSSLDSSAG-
 TC68930 DLOGTL ----- LSSTYGPQG-
 TC140470 VSLEAFSFQGMONAAMFNASHNNGNLSEDEATMASLHDSEKFNLG-SISLSLGTCQSQO
 TC25304 _-MGNLISVEDEATMASLHDSEKFNLG-SISLSGTAEQSQ
 VNLDAGFGQAGQAVMAMLNKTSIPLNGNPSPLEDNAATASLHDSEKFNLGGSISSFGTVLQLAQ

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

AT2G24260
 AT4G30980
 AT5G58010
 TA12416
 TA5414
 TCG205173
 OSVIVIT00017237001
 TC7102
 TA34455
 TC7103
 TA37666
 TC67603
 OS06908500
 OS02955250
 OS09g25040
 TA2544
 DV982110
 W0051050seqID516
 AT4G02590
 TC10015_part
 AT1G03040
 TA13791
 TC60118
 TC60119
 TC61833
 TA3392
 W0051050seqID1671
 Pt_TC63334
 TA3263
 Pt_scaff_II_416
 TA2825
 TC207545
 TC229602
 TA46156
 AK247217

-----SSVHALYINGFSVAGSLPN-----FQIP
 -----HPNDALFNGFSTG-SLP-----FHLP
 -----PQSLSFLAVDAPPDQ-----FHHP
 -----GNDIVD-VSSEKS-QQCGDGSYOALYNGFT-GSLHG-----STQPHFHHL
 -----GNDIVD-ASSEKS-QQCGDGSYOALYNGFT-GSLHG-----STQPHFHHL
 -----NDVVVDASTFEESPNSPGSKASVTLINGFA-GSLHGVSQSSNOTQHFQHP
 DR-----SONDVVDGSSSEFSNQOGDSVQALYNGFA-GALHGSQASNQALQNFHHP
 -----MLGNGDQNDSVGNPANDSSVQALENGFT-GSLGQ-----NSSQPHFLHP
 -----PLNLSNNQDQNDGVANPANDNSVQALENGFT-GSLGQ-----TSNQPHFHHP
 -----NGDQNDQVGVPENEISVQALYNGFA-GSLGQ-----TSNQPHFHHP
 -----GCDQNDGLNPENDISVQALYNGFA-GSLGQ-----TSNQPHFHHS
 -----GITTNHQGEGSMSQALYNVFGDSLHG-----TMQKSFVGA
 P-----REEMEGGRSP--WAAGGEHALFNGFCVHGGSG-----GAGG--PPF
 -----QDDIDAFFSP--INCARG-DHALYNGFGAAGMHG-----AAAMQPPP
 -----GGDVQALIKAAAANASGGDAGGYGGFAGSLH-----QQQHFEQPH
 TS-----AFGDRSIREIDP-FESSNPTEAEVINDGF1CSL-----RAVQASLHQ
 -----EFGSREELEASFSVNVNARDNSNIGGLFPQFAVSPRGVR-----PTGONFHQA
 -----ESRSRDELEASFSVNHARDNSLGLFPFFAASPRGV-----PTGONFHQT
 -----PGFLRPEGGLGTCKRFSDDVVNRCSMVK-----MKP-----
 -----HGFJLKPDET-----GKRFQDVIDNRCCSMKP-----
 -----GGFLKPEEASG--SSKRFRNEVDGRAFSVRN-----
 -----GGFLKPEEASG--SSKRFRNEVDGRAFSVRN-----
 -----GGFLKPEEASG--SGKRFNRNGVDRASSVRN-----
 -----GGFLKPEEASG--SGKRFNRNGVDRASSVRN-----
 -----GGFLKPEEASG--SGKRFREEDIVDGRA-----RN-----
 -----GGFLKPEEASG--SGKRFREEDIVDGRA-----RN-----
 -----GGFLKPEEASG--SGKRFDDIVDGRA-----RN-----
 -----GGFLKPEEASG--SGKRFDDIVDGRA-----RN-----
 -----GPFUTPEDASG--SGKRFDDIVDGRA-----RN-----
 -----MKPDEASG--SGKRFDDIVDRAK-----RN-----
 -----SSFLKPEDASG--SGKRFREEVIDGRASSTVRN-----
 -----GGFLKMDDV--SGSRERFDVDRASSVRK-----
 -----GGFLKMDDV--SGSRERFDVDRASSVRK-----

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

TA30646
 TC8633
 TC15501
 TA1140
 TA3490_part
 CK29338
 TC12771
 TC17581
 TA28621
 TA21665
 TA46194
 DY26946
 CO123623
 Pt_scaff_70_65
 Pt_scaff_XIII_403
 TA1616
 TA55042
 WO051050seqID77
 TC3698
 Os03958330
 TA139285
 TabiH11
 TC104646
 TA126400
 Os07908440
 Os02935660
 DT543504
 Pt_scaff28_86
 GSVIVT00016367001
 TC19228
 TA14134
 TC68930
 TC140470
 TC253044
 Os06909370

```

-----GGFLKMDDV-SAPGRRFDDVVDSRASSSVKP-----
-----SGFMKMDDVPAVPGRRFDDVVDSRASSSVKP-----
-----GGFFKPDEASG-SGKRFRDFDVKAVSTNNNDNNDGDSVH
-----IGGA-PAGQ---QQQ1QQQQERGGNMNSGLPQFENLQSHSLIILTVP
-----IG-A-FAG---QQQRERGGNMNTGLETSFENLQSHSLIHSVP
-----VS---DAG---AYAVKHREG-INIGNLYGLEHLQSHAVRHAVPPVH1
-----VS---DAG---AYAVKHREG-INIGNLYGLEHLQSHAVRHAVPPVH1
-----VS---DAG---AYAVKHREG-MNIGNLYGLEHLQSHAVRHAVPPVH1
-----VS---EAG---AYAVKHREG-MNIGNLYGLEHLQSHAVRHAVPPVH1
-----AN---NTG---GFOVKTTEREA-MMNGNLYGLEHLQSHAVC1SVPQVHQV
-----TQVAPGSGERFDDVDAARGSSGRSERES-VHLDGLFPAYGHVQSLSRPAVQVH
-----SSSPNNSATSGINGERDSVHNPSPLEPATGLO---SOSAR--PPLPRPPQ
-----SAAS---AVSGISERDSMHNNSLFPPEQMO---TQIIRASPPPQOPPPQ
-----INNASPFSTISAGFLGRDSVHNTSLFPTEQOLQ--IHSSIRSAAPPPLGPQQ
-----INNTPP-SIKSARILGRDSVHNTSLFPTFGLQ--IHSSIRTPPPPPGPQQ
-----NNNNNVSSSTSVINDRSVHMASLFPTEQOLQ--TQT-LR--PPP--PPH
-----QHHTLHNNNNNSSPSTAPITDMSMHRGLFSAFOLHTPIRPTLPPIPPOQLHL
-----MEREAGVHGNNMITS-CLFPAEGOFQ--THQSVPQPPPQHPPPPQ
-----SDSSCSEREHPVQFACLFPOYGHNNNQHOTRNLSPP
-----EASGSGKRLGVGD--DAEFGGSVADREVTQTLGLFPVFGGGG--VQPPLNRPT
-----EASGSGK--RADDEA1QPLGLFPAGGGG--VQPPLNRAT
-----SGSRGGK--RADGG--KADREALQPLGLFPAGGGG--VQPPLNRAT
-----DDAGN--AAERDGVLQPLGLFPVFGGG--LQPPHLRPSh
-----PKPDRDPVQVLAGLFPVFAAGGGVQPHLRGP
-----AKPDRDPVQVLAGLFPVFAAGGGVQPHLRGP
-----ARRLLDG--GHDGGRTDRPVQLAGLFPVFGAAAAGVQPPHJRAP
-----DLIQQATVSKYHHQQQQQLGVVPSQPHHNDIDDFNTGKLMSFASQHQHUTPSI
-----DE---GNIN---REFIEDEILOOPENLSASINSKGQDMQNSFCSSFPADHP
-----GSGLRGGNLDOMHMKGYMGDEILRLDKLASPTEGKEDIQSCPFESSGIAEPN
-----GFGLQGEYVDNEMDIMRNRYVG-DEILQLONISSA1PTKGKECQTHPFPSAVGPH
-----TA14134-GPTNCLPGDSMGTQASSRVSIMSVTPSSHMSPNLE
-----TC68930-GOT-VLPR-TPGAQSQQNLSTOTIOSGETTSQY
-----TC140470-EQNTMCNIPLPSEVSAQMVAWEAQGAL1PSKTSITHNK
-----TC253044-EQNAMCNIPLP-FASGSQMAWEAQGAMIPSKISSTHNK
-----Os06909370-GAG-GLKAQQ---EQN-TRNIPLPFTSGSHLAWTDAQGPPPLPSKIPPLIHDN
  
```

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

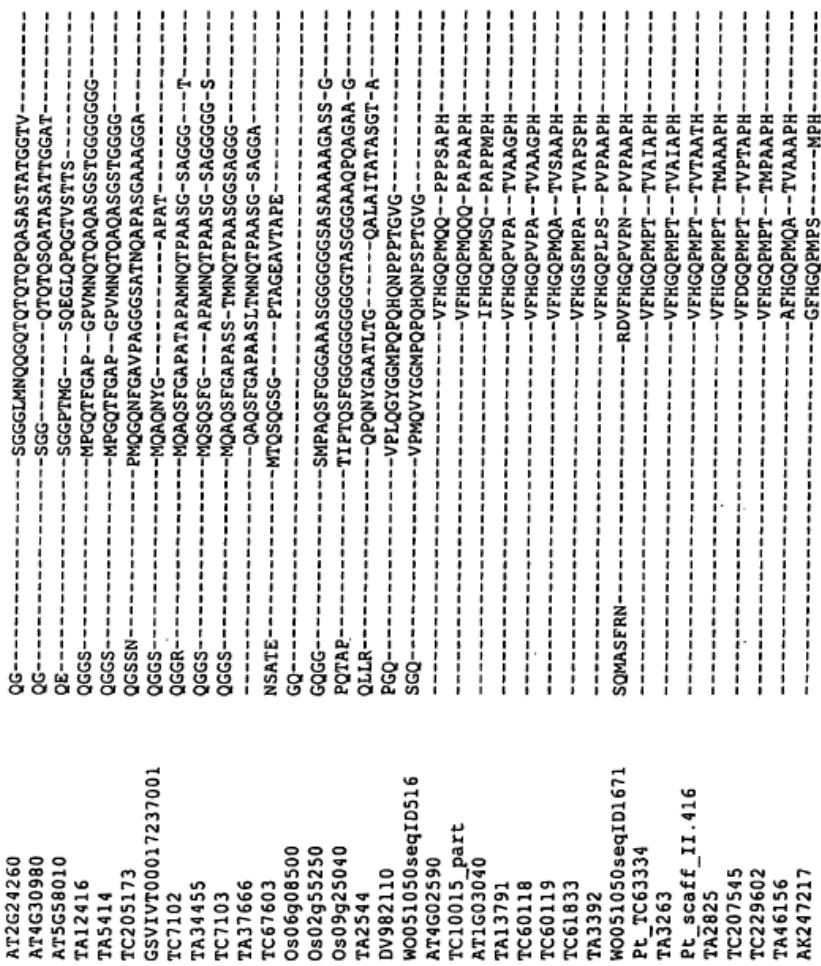


FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

TA30646 -----PP-AIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSVN---KT
TCB633 -----PP-AIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSVN---KT
TC15501 -----PP-AIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA1140 -----PP-TIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA3490_part -----PP-SIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
CK293938 -----SP-AIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC12771 -----PP-AIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC172581 -----PP-SIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
DY268946 -----PP-SIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
C0123623 -----PP-SIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA28621 -----PP-SIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA21665 -----OP-AIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA46194 -----PP-AIRPKVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
PT_scaff_70.65 -----PP-AVRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
Pt_scaff_XIII.403 -----PP-GIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA1616 -----PP-GIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA55042 -----PP-GIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
W0051050seqID77 -----PP-QAIRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC3698 -----PT-GPRPRVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
Q003958130 -----OPPAPKVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA139285 -----OPPAPKVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TabHLH11 -----OPPAPKVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC104646 -----OPPAPKVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TA126400 -----OPPAPKVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
OS07908440 -----PKNGSSAGNGAPKPVARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
OS02935660 -----PKNGSSAGNGAPKPVARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
DT543504 -----NGSDRTVKPVARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
Pt_scaff28.86 -----EGCNGTGTGVARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
GSVIVT00016367601 -----GGCNGTGTGVARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC19278 -----MKNLQELYPSN---KT
TA14134 -----AGENTPYLELLVCSQATDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC68930 -----NAANGAARPVRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KT
TC140470 -----NGNSASAKPRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KA
TC253044 -----NGNSASAKPRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KA
Os06690370 -----PGNSANAKPRTRARRGQTDPHStAEFLRRERIAERIRALQELYPSN---KA
----- * * * : ..

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

AT2G24260	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVSSQIS----EAGGSH-
AT4G30980	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAVASQIS----EDAG---
AT5G58010	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAVGPRNLGLSAEAGRLN
TA12416	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG-GCCD
TA5414	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG-GGGD
TC205173	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG-GGD
GSVIVT00017237001	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG-GGD
TC7102	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG-RG--
TAJ4455	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG-RG--
TC7103	DKASMLDEIIDYVREFLQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADRSSEG-GGGD
TA37666	DKASMLDEIIDYVREFLQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADRSSEG-GG-D
TC67603	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSEG---EG--GGD
Os06g08500	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAGMAPLVASMSE--GNSN
Os02g55250	DKASMLDEIIDYVREFLQLQVK-----VLSMSRLGGAAVASAPLVANMSSESIGNGN
Os09g25040	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSE--GRGG
TA2544	DKASMLDEIIDYKLKELQLQVK-----VLSMSRLGGAAAVAPLVADMSSE-----
DV982110	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVAPLVADIPAEG-----
W0051050seqID516	DKASMLDEIIDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVAPLVADIPAEG-----
AT4G02590	DRAAMIDEIVDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DMPLISSVED
TC10015_Part	DRAAMIDEIVDYVKELQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DMPLISSVED
AT1GO3040	DRAAMIDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-EMPLISSVED
TA13791	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DLPLSS-VED
TC60118	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DLPLSS-VED
TC60119	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VEY
TC61833	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VED
TA3392	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRVGAPGAAVPLVTDLPLSS-VED
W0051050seqID1671	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VEE
Pt_TC63334	DRTAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VED
TAJ3263	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VED
Pt_scaff_II.416	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSP-VED
TA2825	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VED
TC207545	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLSS-VEE
TC229602	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLAS-VEE
TA46156	DRAAMLDEIVDYVKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPLAS-VEE
AK247217	DRAAMLDEIVDYIKFRLQLQVK-----VLSMSRLGGAGAAVPLVT-DIPISS-VEE

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

TA30646	-----	-OPAWEKWSSTGTERQVAKLMEENVGAAMQFLOSK
TC8633	-----	-OPAWEKWSSTGTERQVAKLMEENVGAAMQFLOSK
TC15501	-----	-OPAWEKWSSTGTERQVAKLMEENVGAAMQFLOSK
TA1140	-----	-GOAWEWNSNDTDETEHOVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TA3490	Part	DTSENGYN-Q-----
CK293938	-----	-OPAWEWNSNDTDETEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TC12771	-----	-OHTIWEKWSNVDTDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TC172581	-----	-OHIWEKWSNVDTDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TA28621	-----	-OHIWDKWSNVDTDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TA21665	-----	-OHVWEKWSNDSETDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TA46194	-----	-OQAWDKWSNDTDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
DY2688946	-----	-GEJ1DGG-----S-----SQPEWEKWSNDTDEQEVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
CO123623	-----	-GDAGGG-----TOPPWEKWSNDTDEQEVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
Pt_scaff_70_65	-----	-GEGIEGG-----A-----NOQAWWEKWSNDTDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
Pt_scaff_XIII_403	-----	-GEGNEGG-----A-----NOQAWWEKWSNDTDEQEVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TA1616	-----	-GEJ1DGA-----A-----NOQTWWEKWSNDTDEQEVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
TA55042	-----	-DODIEGG-----A-----NEQAWDKWSNDTDEQEVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
WO051050seqID77	-----	-E1IEGG-----N-----NOPAWEKWLTDGTDEQQVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
TC3698	-----	DSSESGKTS-----YQGWENKSTDTGTERQVAKLMEEDVGAAQMQLQSK
Os03956330	-----	EASDSG-----G-----NOQIWEKWSSTGTERQVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
TA139285	-----	EASDSG-----S-----KOIWEKWSSTGTERQVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
TabHLH1	-----	EASDGG-----S-----KOIWEKWSSTGTERQVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
TC104646	-----	EASDSG-----S-----TOHIWEKWSSTGTERQVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
TA126400	-----	EAQDGHHQAPQQQ-----OOHWWEKWSSTGTERQVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
Os07908440	-----	EASDSG-----S-----KOIWEKWSSTGTERQVAKLMEEDIGAAQMQLQSK
Os02g35660	-----	SPRSSSGERQAGAVTG-----GLPGDOPELLDGAMPEQEVKLMEENVTAQMQLQSK
DT543504	-----	LSLAPLAG-----QGVDFSPSPDQVNFQEUVKLMESNMVTMAMQFLOSK
Pt_scaff28_86	-----	LSLSPSAG-----JGDICQSPDQIAFEQEVLKILLESVTMAMQFLOSK
GSVIV00016367001	-----	HSLSQSA-----QBDICQSPDQIAFEQEVLKILLESVTMAMQFLOSK
TC19278	-----	-----RDVKHIESNTLTFFEQEVVKLMEENVTAQMQLQSK
TA14134	-----	-----LASAALGQ-----AGG--SLSQDGIAFEQNVVKLMEKDTRAMQFLOSK
TC68930	-----	-----VMSTALGQ-----ASCPPLTLSODGLIAFFQEVARLMESNMVTMAMQFLOSK
TC140470	-----	-----LSSPTTSQ-----GLIDVAGPDSLVEQEVIKLMETISITNAMQFLOSK
TC253044	-----	-----LSSPTASQ-----GLIDAAGPDSLVEQEVIKLMETISITNAMQFLOSK
Os06g09370	-----	-----LSASTISQ-----GPPMPDSEDSAFEEQEVVKLMEITSISAMQFLOSK

* : * :: : *** * :

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

AT2G24260	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPLIPG-----	AVADVG
AT4G30980	GLCLMPISLATIASSSTTHSRSGLFLN-----	-DTG
AT5G58010	GLCLMPISLATIASTATCHSRNSPFEVK-----	-PISSAV
TA12416	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPIISTSNNNNNN-----	-HNPLLQSNGE
TA5414	GLCLMPISLATIASSATCHSRNPIISTSNNNNNN-----	-HNPLFQSNGE
TC205173	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPIINTVNPLINAA-----	-GNPH-----
GSVIVT00017237001	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPIINTVNPLINAA-----	-GNPH-----
TC7102	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPIINTVNPLINAA-----	-GATH-----
TA34455	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPIINTVNPLINAA-----	-FPTAANPAGE
TC7103	GLCLMPISLATIASTATCHSRNPIINTVNPLINAA-----	-HPLPNNSAD
TA37666	GLSMPISLATIASTATCHSMKLNPLHGGGG-----	-ATNGGGGEAG
TC67603	GLCLMPISLATIASTATCHSMKLNPLHGGGG-----	-EAG
Os06908500	GLCLMPISLATIASSATSRNSRNMINHENPANGS-----	-AINGGG-----
Os02955250	GLCLMPISLATIASSATSSA-----	-G
Os09g25040	GLCLMPISLATIASSATSSA-----	-AINGGETGG
TA2544	GLCLMPISLATIASSATSSA-----	-HILLIQSGGD
DV982110	GLCLMPISLASAISSSATCRP-----	-RHAGAPQTM
W0051050seqID516	GLCLMPISLASAISSSATCRP-----	-GAGGSLIHEGG
AT4G02590	GLCLMPISLASAISSSATCRP-----	-LGAAAAAAAH
TC10015_part	GLCLMPISLASAISSSATCRP-----	-VNLRYPAAGD
AT1G03040	GLCLMPISLASAISNNNSGRPQAPSTPSXXLLAS-----	-NVNDRQL
TA13791	GLCLMPISLASAISNNNSGRPQAPSTPSLQGLPP-----	-NANDRQIL
TC60118	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
TC60119	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
TC61833	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
TA3392	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
W0051050seqID1671	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
Pt_TC63334	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
TA3263	ALCIMPISLAMAIHSQPPDTSS-----	-VV
Pt_scaff_II_416	ALCIMPITLATAIHTQOPPDTT-----	-IV
TA2825	ALCIMPITLATAIHTQOPPDTT-----	-IV
TC207545	ALCIMPVSLSASAIYQSOPSGTSS-----	-IV
TC229602	ALCIMPVSLSASAIYQSOPSGTSS-----	-IV
TA46156	ALCIMPISLASAISYHSQQPDTTP-----	-LI
AK247217	ALCIMPISLASAISYHSQQPDTSS-----	-LV

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

TA30646	ALCIMPISLASAIIYHSSQPPDTSS--	-LV
TC8633	ALCIMPISLASAIIYHSSQPPDTSS--	--LI
TC15501	ALCIMPISLASAIIYHSSQPPDTSS--	--MI
TA1140	ALCIMPISLASAIIYHSSQPPDTSS--	--EP
TA3490_part	ALCIMPISLASAIIYHSSQPPDTSS--	--HV
CK233938	SLCIMPISLASAIIYPTQQPDDMS--	--WV
TC12771	SLCIMPISLASAIIYPTQQPDDMS--	--MV
TC172581	SLCIMPISLASAIIYPTQQPDDMS--	--LV
TA28621	SLCIMPISLASAIIYPTQQPDDMS--	--LV
TA21165	SLCIMPISLASAIIYPTQQSNDNS--	--LV
TA46194	ALCIMPISLASAIIYPTAQDNTS--	--MV
DY288946	ALCIMPISLASAIIYTRQPDPA--	--LI
CO123623	ALCIVPTISLASAIIFPQIOPDAPI--	--FV
Pt_scaff_70_65	ALCIVPTISLASAIIFRREPNAPI--	--IV
Pt_scaff_XIII_403	ALCIVPTISLASAIIFRREPNAPI--	--LV
TA1516	ALCIMPISLASAIIIRTPPDRS--	--LI
TA55042	ALCIMPISLASAIIIRTPPDRS--	--LI
W0051050seqID77	TICIMPISLASAIIFRPOSEAST--	--GI
TC3698	ALCIMPISLASAIIFRTSQPDMPR--	--SI
Os03958330	ALCIMPISLASAIIICOMNPSTIESF--	--M-
TA139285	ALCIMPISLASAIIYDQTQDQG--	--PV
Tabitha1	ALCIMPISLASAIIYDQTQHSQDGQ--	--PV
TC104646	ALCIMPISLASAIIYDTHSQDGQ--	--PV
TA126400	ALCIMPISLASAIIYDTHSQDGH-S	--LM
Os0908440	ALCIMPISLASAIIYDTHPLDGHH--	--SL
Os02935660	GLCIMPVALASAIQNGTSSAAVRPEKKNGDQ--	--SV
DT543504	GFCIMPVALAAAIISVK-----	--DGGDEEDEV
Pt_scaff8_86	GLCIMPVALAAAIISVK-----	--S
GSUVT00016367001	ASLSGTSEERKNGYT-----	--SGLVS
TC19278	AASGTGSDEKG-----	--N
TA14134	GLCIMPVALATAISSSTCKPLIGSGVINSVDSTSDRQSSGNQPASTITVDSCSGALGMGSA	--T
TC668930	GLCIMPVALATAISSSSRKPVLATPCTGVDS-SEKQNSDMQSTVLPPFSSSTMGLRAT	--T
TC140470	GLCIMPVALASAIISQKG-----	--T
TC253044	GLCIMPVALASAIISQNG-----	--T
Os06g09370	GLCIMPVALASAIISQRM-----	--T

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

AT2G24260	GPSPPNLSGMTIQ--STSTMKG-----SGNGKLNGVTERSSIAVKEAVSVSKAATG
AT4G0980	VPLSPNLS-----TIV-----NGNG-----SSLTVKDAPBVSKP---
AT5G58010	AEEDSNVT-----ATAVA-----APEAS-----
TA12416	GPTSPSMS-----VLTQOS-----ATMGN-----GADSVKDAASVSKP---
TA5414	GPTSPSMS-----VLTQOS-----ATMGN-----GADSVKDAASVSKP---
TC205173	GPPSPSMS-----VLTQOS-----ATAGN-----DGAASVSKP---
GSVIVT00017237001	GPPSPSMS-----VLTQOS-----ATMGN-----LADPVKDAASVSKP---
TC7102	GPPSPKLS-----VLTQOS-----ATMGN-----ATIGN-----GIDSVKDATSVFEA---
TA34455	RPASPTLS-----ALTQOS-----ATIGN-----HAGKDATSLFEA---
TC7103	GPPSPSLS-----ASTVQS-----ATMGN-----GGAA-----
TA37666	GPPSPSLS-----ASTVQS-----ATMGN-----GGT-----
TC67603	GPPSPSMS-----VLTQOS-----ATMGN-----GLEG-----GAASVSKP---
Oso0908500	LDAAGPT-----PAMS-----NGDDP-----RRAKADGGAGQT---
Oso2955250	NGTSPPLV-----NGTAT-----GCDDAGUFFSVRFVVELSELLINEDCRGEESK
Oso0925040	HQLSAAAAA-----AAAMRGHLPGINADGSVPASPNSVLTAQSAMANGGGADGE
TA5544	APPSPSTS-----ALTQ-----EPS-----SSNAGRAGADAS-
DV982110	EPS-----
W0051050seqID516	EPSNSALTSMTIQSISSPGSSITEQGDNAHKAVNGTRNPDSREAMSVTKSNGI
AT4G02590	KPENNPPQ-----
TC10015_part	KPEMNPP-----
AT1603040	KPETNPP-----
TA13791	KPETNPP-----
TC60118	KPETNPP-----
TC60119	KPETNPPA-----
TC61833	KPETDPPP-----
TA3392	W0051050seqID1671
Pt_TC63334	KSESNNPPS-----
TA3263	KPETNPPS-----
Pt_Scaff_II.416	KPETNPQ-----
TA2825	KPETNPP-----
TC207545	KPETNPP-----
TC229602	KPQTNPP-----
TA46156	KPETNPP-----
AK247217	KPETNPP-----

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

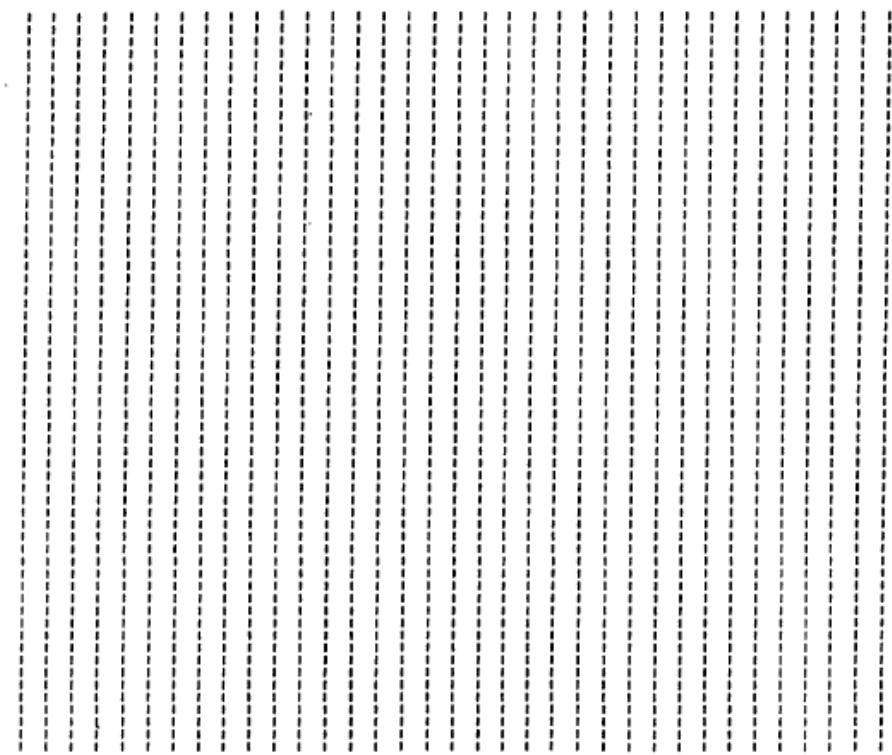
ES 2 403 281 T3

TA30646	KPETNPPS--
TC8633	KPETNPPS--
TC15501	KPEPNAPS--
TA1140	SAPS--
TA3490	KPETV--
CK2939_38	KPEPAAPS--
TC12771	KPEPAAPS--
TC1725_81	KPEAAAPS--
TA28621	KPEAAAPS--
TA21665	KPEQAAPL--
TA46194	KPEPNAPS--
DY268946	KPESSTPSYCLANNNSQQLANDSKYLITOTSYRILLVLISNQIQLPMQRSHSSEP--
CO123623	KPESNPPS--
Pt_scaff_70_65	KPESNPPS--
Pt_scaff_XIII_403	NTESNPPS--
TA1616	KPESNTPS--
TA55042	KPESNSH--
W0051050seqID77	KPESSAPS--
TC3698	KHEPNTPS--
OS03958330	KHEPNTPS--
TA139285	KHEPNTPS--
TabHLH11	KPEPNNTA--
TC104646	KPEPNTSS--
TA126400	KPEPNASS--
Os07908440	KPEPNTPS--
Os02935660	KGEFDAPRRPPVGRPKEMRSRV--
DR543504	SSSSVPASD--
Pt_scaff28_86	ESKKGLH--QQYSNQQHLQQ--
GSIVT00016357001	SSSSTIGIDTHPMNDNNIATGTLSSKGIVNGCNEVKQEVULKNT--
TC19278	AATPVATP--
TA14134	SDGETSEENIIGHISREDFSNCSGTISKKEGTNTNFREMNGE--
TC68930	GFGSDFLKENTVEKRGRELVTAESNGEFGIISSLPLKIRKE--
TC140470	ASGSDAPINENSINKASIEKVVAEKSGNGISPGLOSSDVPVGQSREELIKRAQ--
TC253044	SAA1PPER--
Os06909370	SAA1PPER--
	AAAA1PPEK--

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

MQFDESDARVWIWFIRREDDIVELIWQSQQVVGNTNQTHRQSYDPPRPLRGSGSRGREEN
AT2G24260
AT4G30980
AT5G58010
TA12416
TA5414
TC205173
GSVIVT00017237001
TC7102
TC67603
TA37666
TC67603
Os06g08500
Os0295250
S0Q9g25040
TA2544
DV982110
W0051050seqID516
AT4G02590
TC10015_part
AT1G03040
TA13791
TC60118
TC60119
TC61833
TA3392
W0051050seqID1671
Pt_TC63334
TAJ263
Pt_scaff_II_416
TA2825
TC207545
TC229602
TA46156
AK247216

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)



TA30646
TC8633
TC15501
TA1140
TA3490_part
CK293938
TC12771
TC172581
TA28621
TA21665
TA46194
DY268946
CO123623
Pt_scaff_70.65
Pt_scaff_XIII.403
TA1616
TA55042
W0051050seqID77
TC3698
Os03958330
TA139285
TabHLH11
TC104646
TA126400
Os07908440
Os02935660
DT543504
Pt_scaff28.86
GSVIVT00016367001
TC19278
TA14134
TC68930
TC140470
TC253044
Os06g09370

FIGURA 2 (CONTINUACIÓN)

ES 2 403 281 T3

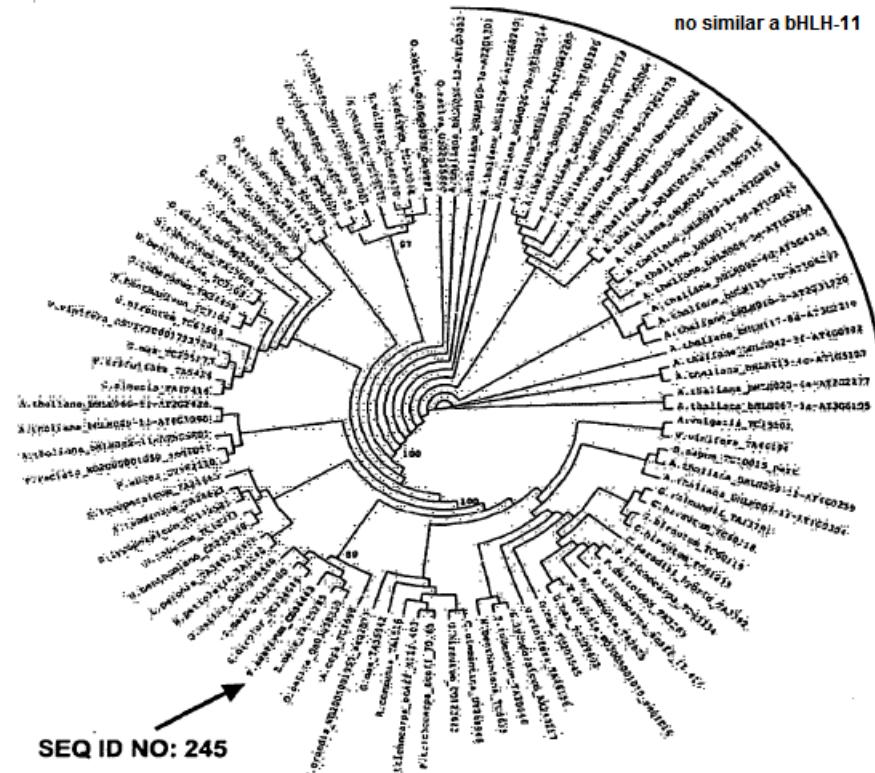


FIGURA 3

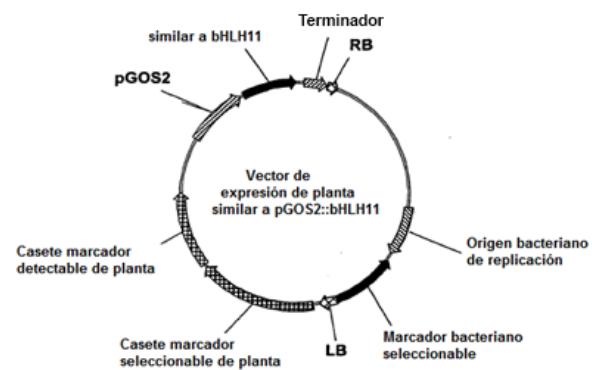


FIGURA 4

SEQ ID NO: 244, secuencia codificante TabHLH11, *Triticum aestivum*
ATGGCGGGGCAGCCGCCGCAGGGCCCGGAGGACGACTTCTCGACCAGTCTTCTCCCTCACCAAC
TCCCTCTCCGCCGCCGGCCGCCCCCTCCGGCAGCAGGCCCTCTCCCTGCCCTCAGCCTCGACGCC
GCCCTCGGACGCCCTCCGGCAGCAGGGCCGCATCGCGACGCCGGCAACGCCGCCGAGCGGGAC
GGCGTGCAGCTCCCAGGGCTTCCGGCGGTGTTCCGGCGGTGGCCTCCAGGCCGCCACCTTCGC
CCCAGCCACCCCTCCCCACAGATGTTCCACGCCAGCAGCCGAAGCAGGGCGGGCCGCTGGAGGG
CCGCAGCCGCCGGCCGGAGGGCGAAGGTGCGGGCGCTCGCGTCAGGCAGCTGATCCCCACAGC
ATCGCGGAGAGGCTAAAGAAGAGAGGATAGCGGAAAGGATGAGGGCCCTACAGGAATTGGTCCCC
AATAAGAACAGACAGATAGGGCAGTTATGCTAGATGAGATCTGGATTATGTGAAGTCCCTTAGG
CTTCAAGTAAGGGTGTAAAGCATGAGCAGATGGGTGGTGTGGCTGTCAGCTGGTTCT
GACATTCCACTTTCAAGTAAAGGGGAAGCAAGCGATGGTGGGAGCAAACAGCAGATATGGGAAAAG
TGGTCAACGGATGCCACGGAAAAACAGGTTGCGAAGCTGATGGACGAGGACATCGGCCGCAATG
CAATTCTCCAATCAAAGGCTCTGCATGATGCCAGTCTCCCTGCCATGGCTATCTATGACACA
AACATTCACAGGACGCCAACAGTGAAGCCTGAACCCAAACACTGCCCTAG

SEQ ID NO: 245, TabHLH11, *Triticum aestivum*
MAQOPPQGPEDDFLDQFFSLTNSAAGRPSGDQPFSLALSDAASDASGSRGIGDDAGNAERD
GVQLPGLFPPVFGGGLQPPHLRPSHPPPQMFHAQQPKQGGPQAGGPQPPAPRPKVRARRQATDPHS
IAERLRRERIAERMALQELVPNTNKTDRAVMLDEILDYVKFLRLQVKVLMSMSRLGGAGAVAQLVS
DIPLSVKGEASDGGSKQQIWEKWSTDGTEKQVAKLMDEDIGAAMQFLQSKALCMMPVSLAMAIYDT
QHSQDGQPVKPEPNNTA

SEQ ID NO: 246, Motivo 1
(E/D) (D/S/E) (F/M) (L/F) (D/E/Q/L) (Q/H/E)

SEQ ID NO: 247, Motivo 2
RA(R/I/Q) RG(Q/H) ATDPHSIAER

SEQ ID NO: 248, Motivo 3
(M/I/V/L) (K/R) (A/S/Q/D/N) LQ (E/D/V) LVP

SEQ ID NO: 249, Motivo 4
(M/I) (L/I) DEI(I/V/L) (D/E/G) Y(V/L/I) (K/R) FL (Q/R) LQ (V/I) K

SEQ ID NO: 250, Motivo 5
(V/I) LSMSR(L/V) G

SEQ ID NO: 251, Motivo 6
V(A/V/L/I) (K/R) (L/M) (M/L) (E/D) (E/D/S/K/T) (D/N/S) (M/V/I) (G/T/I) XAMQ
(Y/L/F) L

SEQ ID NO: 252, Motivo 7
(M/V) (P/S) (I/V) (S/T/A) LA

SEQ ID NO: 253, Motivo 8
SIAERLRRERIAERMALQELVPNTNKTDRAVMLDEILDYVKFLRLQVKVL

FIGURA 5

SEQ ID NO: 254, prm009718 (del) :
GGGGACAAGTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGCGGGGCANCCG

SEQ ID NO: 255, prm009719 (inv) :
GGGGACCACTTGTACAAAGAAAGCTGGGTATGGGTGAGCTGCTGTT

SEQ ID NO: 256, promotor Gos2 de arroz
AATCCGAAAAGTTCTGCACCGTTTCACCCCTAACATAACAATATAGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATGTAGCGCTGATAACTAGAACATGCAAGAAAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAAGACTCGCTACACTAGTTCTTCTTAGTAATTAAAGT
GGGAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACTGTCACATCTGTGATGAAGTAAATTATTGCG
AGGTAGGCCATAATTGTCATCAAACCTCTTGTAAATAAAAATCTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTAAATGGAAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAA
CATATAATTATAATTATAGTTGTGCAATTGCTCATATCGCACATCATTAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCATAATTATTTAGTAAATTAAAGACAATTGACTTATTATTTATCTTTTGCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGACACACTTGTGCTCATGTGATGTGAGTGACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTAATATCACTCGCCTATTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAAGACCACTTTAATAATATCTAAATACAAAAAAATAATT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGACTATTAGGTTTTACATACAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCAGCGCCAATCTCCATATTGGGCACACAGGCAACACAGGTGGCTGCCAC
GAACAACCCACAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTAACAGCAG
GCTTGCAGGCCAGGAGAGAGGGAGGGCAAGAAAACCAAGCATCTCTCTCCATCTATAA
ATTCCCTCCCCCTTTCCCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACCGCAGTACAGCAGAACGCCAGCGACCCGCTTCTCGATCCATATCTCCGGTCAGTTCTGGT
CGATCTCTCCCTCCACCTCCCTCACAGGGTATGTGCTCCCTCGGTTCTGGATT
ATTGTTCTAGGTTGTTAGTACGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGATGATTCC
TGTCTTGATTTGGGATAGAGGGTTCTGATGTTGATGTTATCGGTTGGTTGATTAGTAGT
ATGGTTTCATCGTCTGGAGAGCTCTATGAAATGAAATGGTTAGGGATCGGAATCTTGC
TTGAGTACCTTTGGGATGAAATCAGAGCACCGGTGATTTGCTGGTAAATAAGTAC
GGTTGGTGGCTCGATTCTGGTAGTGTGCTCTCGATGACGAGCTATCCTTGTATT
CCTATTGAAACAAAATAATCCAATTGAGACCGTCCCGTTGATGAGATTGATTGATTCTT
AACGCTGTCCAAAATTGCGCAGCTGGCTTGTAGATACTAGTAGTCCCCATCAGAAATT
AACAGTTATAATCTCAGGAACAGGGATTCCCTGTTCTCGATTGTTAGTCCCAGAATT
TTTCCCAAATATCTTAAAGTCACTTCTGGTTCAATGAAATTGCTACAAATAATG
CTTTTATAGCGTTATCTAGCTGTTAGCTGTTAGGAAATAGGTTACCCCTATAGTTAGTCAGGAGA
AGAACTTACCGATTCTGATCTCCATTTTAATTATGAAATGAACTGAGCTAGCATAGCAGTATT
CATTTGGATTATTTTTATTAGCTCTCACCCCTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
CTGCTCAATTGTTCAAAATTGATTCTGATTATCTGATTATCTCTTGTATCTACCTGT
AGAAGTTCTTTGGTATTCTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTATGAAAGCTGTAATCG
GGATAGTTACTGCTGTTCTTATGATTCACTTCTGGTGTAGCTTGCAGTTCTGGTGTAGCTTGC
TTCACCAAGGTT

SEQ ID NO: 257, casete de expresión
AATCCGAAAAGTTCTGCACCGTTTCACCCCTAACATAACAATATAGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATGTAGCGCTGATAACTAGAACATGCAAGAAAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAAGACTCGCTACACTAGTTCTGTTCTTAGTAATTAAAGT
GGGAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACTGTTACATCTGTGATGAAGTAAATTATTGCG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACCTCTTCTGAATAAAAAAAATCTTCTAGCTGAACACTCAATGGGT
 AAAAGAGAGAGATTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAA
 CATATAATTATATAATTTTATAGTTGTGCAATTGTCATTCGCACATCATTAGGACATGTCTTA
 CTCCATCCCATAATTATAGTTGTGCAATTGTCATTCGCACATCATTAGGACATGTCTTA
 ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACATTTGTGCTCATGTGCATGTGAGTCACCTCCTCAAT
 ACACGTTCAACTAGAACACATCTCTAATATCACTCGCTATTAAACATTTAGGTAGCAATATC
 TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTAAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATT
 ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACATTTAGGTTTCACATACAAAAAAAGAATT
 TTGCTCGTGCAGCGAGGCCAATCTCCATATTGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCACA
 GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGAAACACCTTTAACAGCAG
 GCTTGCAGGCCAGGAGAGAGGAGGAGGAAAGAAAACCAAGCATTCTCTCCATCTATAA
 ATTCCCTCCCCCTTTCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
 GACACGCACTAGCAGAACAGCGAGGCACCGCCTCTCGATCCATCTTCCGGTCGAGTTCTGGT
 CGATCTCTCCCTCCACCTCTCCACAGGGTATGTCCTCCCTCGGGTGTCTGGATT
 ATTGTTCTAGGTTGTGAGTACGGGGCTGTGATTTAGGAAAGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
 TGTTCTGGATTGGTAGAGGGGTTCTGTGATGTTGCACTGTTATCGGTTGGTTGATTAGTAGT
 ATGGTTTCATCGCTGGAGAGCTCTATGAAATGAAATGGTTAGGGATCGGAATCTTGCATT
 TTGAGTACCTTTGTTGAGGAAAATCAGAGCACCGGTGATTGACGAAGCTATCCTTGTTATT
 CCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCT
 AAGCCTGCCAAAATTCGCACTGGCTTGTAGATACTAGTAGTCCCCATCACGAAATTGATGAA
 AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCCGATTGCTTAGGAGAATT
 TTTTCCCAAATATCTTAAAGTCACTTCTGGTAGTTCACTGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTAGTCAGGAGA
 CTTTATAGCCTTCTGGTAGTTCACTGTTCACTGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTAGTCAGGAGA
 AGAACTTACCGATTCTGATCTCCATTAAATTATGAAATGAACTGAGCTACAGCTTCTGGGATT
 CATTGGATTATTTTATTAGCTCTCACCCCTCATATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
 CTGTCCTCAATTGTTCACTGATTATCTGATTATCTCTTGTATCTACCTGT
 AGAAGTTCTTTGGTATTCTGACTGTTGATTACAGAAAGAAATTATGAAAGCTGTAATCG
 GGATAGTTACTGCTGTTCTATGATTCACTTCTTGTGAGTTCTGGTAGCTTGCCT
 TTCACCAGCAAAGTCACTTAAATCAACTAGGGATATCACAGTTGACAAAAAGCAGGCTTAA
 ACAATGGCGGGGAGCCGCCGAGGGCCGGAGGACGACTTCTCGACCAGTTCTCCCTCACC
 AACTCCCTCTCCGCCGCCGGCCGCCCCCTCCGGCAGCAGCCCTCTCCCTCGCCCTCAGCCTGAC
 GCCGCTCGGACGCCCTCCGGCAGCAGGGGGCGCATGGCAGCAGCCGGCAACGCCGGAGCG
 GACGGCGTGCAGCTCCCGGCTTCCCGCCGGTGTCCGGCGTGGCTCCAGCCGCCGACCTT
 CGCCCCAGCCACCCCTCCCCACAGATGTTCACTGGCAGCAGCCGAAGCAGGGGGGGGGCTGGA
 GGGCGCAGCCGCCGGCGAGGGCGAAGGTGCGGGCGTGGCTGAGCGACTGATCCCCAC
 AGCATCGGGAGAGGCTAAGAAGAGAGGATAGCGGAAGGGATGAGGGCCCTACAGGAATTGGTC
 CCCATACGAACAAGACAGATAGGGCAGTTATGCTAGATGAGATCTGGATTATGTGAAAGTTCTT
 AGGCTTCAAGTAAAGGTGTTAAGCATGAGCAGATTGGGGTGTGCTGGTGTGACAGCTGGTT
 TCTGACATCTTCACTTCAGTTAAGGGGGAGCAAGCGATGGTGGGAGCAAACAGCAGATATGGAA
 AAGTGGTCAACGGATGGCACGGAAAAACAGGGTGCAGCTGATGGACGAGGACATGGTGC
 ATGCAATTCTCCAATCAAAGGCTCTGCATGATGCCAGTCTCCCTGCCATGGCTATCTATGAC
 ACACAACATTACAGGACGCCAACAGTGAAGCCTGAACCCAAACAACACTGCCACT

SEQ ID NO: 258, A. cepa_TC3698

MASNNNPQPPSDGLNDDFFDQIFSMPSAFASSASTDATEALNYADSSTTGVTPMFSLGLSLDQQP
 KSDSSQSEREHPVQFACLFPOYGHNNQVHQTRPNLSPPQVLHGQAMQSSMAATPQPTGPRPRVRAR
 RGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSTNKTDRAVMLDEIVEYVKFLRLQVKVLSMSRLGG
 AGAVAQLVADIPMSSSVEGDSSESSEKTSYQGWKEKWSTDGTERQVAKLMEEDVGAAMQFLQSKALCI
 MPISLAAAICQTNPSTEISFM

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 259, A. thaliana_bHLH007-11-AT1G03040
 MANNNNIPHDSISDPSPTEQILGLSNFGSSGSGLSIGGGVGPPPMMLQLGSGNEGHNHMG
 AIGGGGPVGFHNQMFPLGLSLDQGKGHGFLKPDETGKFQDDVLDNRCSSMKP1FHGQPMSQPAPP
 MPHQQSTIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRSLQELVPTVNKTDRAMIDEIVDYVKF
 LRLQVKVLMSRLGGAGAVAPLVEMPLSSSVEDETQAVWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQL
 LQSKALCIMPISLAMAIIYHSQPPDTSSSIVKPEMNPPP

SEQ ID NO: 260, A. thaliana_bHLH059-11-AT4G02590
 MASNNPHDNLSDQTSPDDFFEQIILGLPNFSASSAAGLSGVDGGLGGGAPPMMQLGSSEEGSHMGG
 LGGSGPTGFHNQMFPLGLSLDQGKGPGLRPEGHGSGKRFSDDVNDRCSSMKPVFHGQPQQPP
 PSAPHQPTSIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPTVNKTDRAMIDEIVDYV
 KFLRLQVKVLMSRLGGAGAVAPLVTEMPMLSSSVEDETGEGGRTTPQPAWEKWSNDGTERQVAKLME
 ENVGAAMQLLQSKALCMMPIISLAMAIIYHSQPPDTSSVVKPENNPPQ

SEQ ID NO: 261, A. thaliana_bHLH066-11-AT2G24260
 MMNSSLTPSSSSSHIQTPSTTFDHEDFLDQIFSSAPWPSVUDDAHPLPSDFHGHVDUSRNQPI
 MMMPLNDGSSVHALYNGFSVAGSLPNFQIPQGSGGILMNQQGQTQTCQASASTATGGTVAAPP
 QSRTKIRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKALQELVPGNGNKTDKASMLDEIIDYVKFLQVK
 VLSMSRLGGAASVSSQISEAGGSHGNASSAMVGGSQTAGNSNDSVTMTHEHQVAKLMEEDMGSAMQY
 LQGKGLCLMPIISLATAISTATCHSRNPLIPGAVADVGGSPPNLSGMTIQSTSTKMGSGNGKLN
 GVTERSSIAVKEAVSVSKAATGMQFDES DARVWIWEIIRREDDIVELLWQSGQVVGTNQTHRQSY
 DPPPILRGSGSGRGEENAPLSQPPPBLHQNLFIQEDEMYSWLHHSYRQNYFCSELLNSTPATHPQ
 SSISLAPRQTIATRRAENFMFSWLRGNIFTGGRVDEAGPSFSVVRESMQGSNTTPSSSATESC
 VIPATEGTASRVSGTLAAHDLGRKGKAVAVEAAGTPSSGVCKAEYTEPVQIQPAT
 ESKLKAREETHG
 TEEARGSTSRSRSTAEMHNLAERRRREKINEKMKTQQLIPRCNKVESDSVSTLISLLKFQRWMM
 LSSTSNSRYRAKYKIALQNRMCFKPMVQHGKSSYVSSFVEMMSTGQGMMSPMMNAGNTQQFMPHMAM
 DMNRPPPFIPFPGTSFPMAPAQMAGVGPSYPAPRYPFPNIQTFDPSRVRLPSPQPNPVSNQPQFPAY
 MNPYSQFAGPHQLQQPPPPPQVTLYHGIHCVVAGNPYV

SEQ ID NO: 262, A. thaliana_bHLH069-11-AT4G30980
 MNSSSLTPSSSPSPHLQSPATFDHDDFLHHIFSSTPWPSVLDLTPPPTSDCAPVTGFHHHDADS
 RNQITMIPLSHNHPNDAFLNGFSTGSLPFHPQGSGGQTQSQATASATTGGATAQPQTKPKVRA
 RRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKSLQELVPGNGNKTDKASMLDEIIDYVKFLQVKVLMSRLG
 GAASASSQISEDAGGSHENTSSGEAKMTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPIISLATTIST
 ATCPSRSPFVKDTGVPLSPNLSTTIVANGNGSSLVTVKDAPSVS

SEQ ID NO: 263, A. thaliana_bHLH082-11-AT5G58010
 MENGNGEKGGEFINQNNDFFLDSMSMLSSLPCWDPSLPPPPPPQSLFHALAVDAPFPDQFHHPQ
 ESGGPTMGSQEGLPQPGTVSTTSAPVVRQKPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKSLQELV
 PNTNKTDKASMLDEIIYEYVRFQLQVKVLMSRLGGAGSVGPRNLGLSAEAGGRNLALTAPCNGLN
 GNGNATGSSNESLRSTEQRVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPIISLATAISSSTTHSRGSLFNPI
 SSAVAAEDSNVTATAVAAPEASSTMDDVSASKA

SEQ ID NO: 264, A. vulgaris_TC15501
 MANNNNPTEGLTDDFLDQILSYGAHEGNLAGNDVNLAGTTTPGGSMALQLSSSGGDITGSGGYHHH
 HQHQHHHQLSGGGGGFPLGLSLEQSGKGFFKPDEASGSGKFRDDFVDLKAVSSTNNNDNRGDS
 VHLNNLFPAFGHVQQQQAHNSVRPPSHQNQINQPFLGHPTPGAVAVVPHPPAIRPRVRARRGQATD
 PHSIAERLRRERIAERMKALQELVPSNKTDRAMLDIEIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGGAGAVAQ
 LVADIPLSSAEGGASEGGSNQPAWEKWSTDGTEHQVAKLMEEDVGAAMQFLQSKALCIMPISLASA
 IYHDQPPDASTMIKPEPNAPS

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 265, *A. vulgaris* _TC19278
 MKNLQELVPSNKTDAKASMLDEIIYEYVRFLQLQVKVLMSMSRLGATGAVVPLITENQPEGSTSHFLS
 QSAGRDKHIESPNTLTQEVEVVKLMESNMTKAMQFLQRKGCLMPIALAAAISGSKAPPASLSTE
 GKKSILTNFGVHHNSGQSNIQPGQISSDGETRSEENIIGIHSREDFSSNSCGTSIKKEGTNTTNF
 TREMNQE

SEQ ID NO: 266, *B. napus* _TC10015_part
 HASETPSDDFFEQI1GLPNFSASSSDGGLGGGGAPPMMQLGSGEEGGHMGGGLGGSGFHNQMFPL
 GLSLEQGKGQGFLRPEGGSLGTGKRFSDDVMKPVFHGPQQPAPPAAPHQPTSIRPRVRARRGQA
 TDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPTVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSMSRLGGAGAG
 APLVTDMPLSSV ред. DESEGGGRAPQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQLSSKALCMPIS
 LAMAIYHSQPPDTT

SEQ ID NO: 267, *C. clementina* _DY268946
 MFLQLGSGGPSPGAGGGATSAADIRSLAMGISMGMMPILGLNLEHSFLRQEDHNSNHNNNNNTNAS
 SSSPNNSSATSGINERDSVHMPSLFPAGQLQSARPLPRPPVQQFQSQPAAPQPPAVRPRV
 RARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMRALQELVPSCNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSMR
 LGAAGAVAQLVADVPLOSSALEGESIDGGSSQPEWEKWSNDGTEQQVAKLMEEDIGAAMQFLQSKAL
 CIMPISLASAIYRTRQPDAPAFVKPESSTPSYCLNNNWSQQLAHNDSKYLITGTYSYRILLVLLSN
 QIIQIPMQRSHSSFP

SEQ ID NO: 268, *C. longa* _TA2544
 MQPSSKETERMAQSHAALQLELQNGGGGAQNDDFFEQTMMSGFSTAAWAPELGTPRSIFGARSSEES
 PDDEGLNYAPPYGGSLLASRHRMHGLTSPADSSMFLQLGGQILLHPTAGSGGESGGFLRLPLSL
 GSGGSGVTSIAIFGDRSRGEIDPPFESSNPTEAEVLYNDGFTGSLPRAVQASLHQQLLRQPQNYGA
 ATLTGQALAITATASGTAGAGTAPPKPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKAQELVPNAN
 KTDKASMLDEIIDYLIKFLQLQVKVLMSMSRLGAAAVAPLVADMSSESGGAGTPRSNNNDGLTAAEQ
 QVAKLLEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPISLASAIISSATCRPRPPGVNLRYPAAGDAPPSPSISALT
 VQSSNAGSAGADAS

SEQ ID NO: 269, *C. paradisi* hybrid _TA3392
 MANNPNEASSTDFLEQILGIPNFGSAESGLAASDGGLAAGSPMMQLLSSGDGSSHISALGGVSS
 GYHGQVFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSGKRFPEEHAIKNVFHGQPLPSPVPAAPHPPAMRPRVR
 ARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSMRV
 GAPGAVAPLVTTDPLSSV ред. DESEGGGRVNRQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFLQSKALC
 IMPISLATAIYHSQPE

SEQ ID NO: 270, *C. sinesis* TA12416
 MQPCSSGGEMQGISSLLSNGSHEQQSQIHQSATFDPTSQDDFLEQMLSSLPSCSWDLKSPWGVV
 LNPNNNNNNNINNKQPRDLSDETAPSTTQENNVPAGFQFDESMILASKMRQHQISGNTGSGNNNSAA
 AKFMMQQQQQIMMAARGGIGLPLSLNGGGNDNDIVDVSSFKSQQGGDGSVQALYNGFTGSLHGST
 QPQHFHHLQGGSMQGQTFGAPGPVMNQTQAQASGSTGGGGGGNTPAQQPKQRVRARRGQATDPHS
 IAERLRRERIAERMKALQELVPNANKTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSMSRLGGAAAVAPLVA
 DMSSEGGGGDCIQANGRNPNGAQTTTSANDSLTVTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPISLA
 TAISTATCHSRNPIIISTSNNNNNNNPHNPLLQSNEGPTSPSMSVLTQSATMGNGGADGSVKD
 AASVSKP

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 271, *E. grandis* WO2005001050 seqID77
 MAGSNPQEGLGDEFEQILAVPPGAYSGGTPMVQLGSGRGGVEDGGGRGGGLRGMGVMMPLG
 LNLEQGGGLFRHEDVENSTSASSTTSAINMEREAGVHHGNMNTSCLFPAGQFQTHQSVQPPP
 PPQLHPAFLNQPAVGSPNQPAIRPRARARRQATDPHSIAERLRRERINERMKALQELVPS
 CNKTDRAAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGGAGAVAQLVADVPLSSAEGEIIIEGGNNQPAWEKWLTDG
 TEQQVAKLMEEDVGAAMQFLQSCTLICIMPISLASAIFRTSQPDMPRSIKPESSAPS

SEQ ID NO: 272, *E. grandis* WO2005001050 seqID1671
 MANNPSDGASDEFLEHLLGLPNFAAAEAGLAPGDGTGLSVAATPMMLQLGSGDGSGGHGHGH
 GHGQGHLSALGGGGAGAGGGGGGGGYHGAVFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSGKRYPEEVVDG
 RASTVKNLHSPLNPFDVSQMASFRNRDVFHGPVPNPVPAAPHPPAMRPRVRARRQATDPHSIA
 ERRLRRERIAERIRQLQDLVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGAAGAVAPLVTDI
 PLSSVEEEGEGGRNQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFLQSALKCIMPISLATAIYQTQ
 PPDTSSLVKSESNPPS

SEQ ID NO: 273, *G. hirsutum* C0123623
 DSGGGGFRRGIGMMPLGLNLEHGFLRHEDGVVDDNNNNASCSAASAVSGISERDSHMVSLFPPFG
 QMQTQQIRASPPPPQPPPQLHQPFHSQPTSGPVAAAPHPPAVRPRVRARRQATDPHSIAERLRRE
 RIAERMKALQELVPSCNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGAAGAVAQVLVADVPLLSVE
 GDGAGGGTQPPWEKWSNDGTEQQVAKLMEEDIGAAMQFLQSALCIVPISLASAIFPAHQPDAPTI
 V

SEQ ID NO: 274, *G. hirsutum* DT543504
 MISNGGESSEFRRSFTGLETLSPIPQLWHLQPYDSVSSLPTLVGQTTIVDDEGNINRFIEIDEILQP
 ENLSASINSKGQQDMQNSFCSSFPADHPITKTMIGLPSLVQGASPNLNNGSDRTVKPRVRARRQQA
 TDPHSIAERLRRERIAERMKNLQELVPSNKTDRASILDEIIGYVKFLQLQVKVLMSRLGAAA
 AVVPLITDGRAEVSNGLSLAPLAGQGVDFSPSPDQVVFEQEVVVKLMESNMTMAMQYLQSKGFCLMPVA
 LAAAISNVKSSTSSSSSVPASDESKKLGLHQYSNQQHLQQ

SEQ ID NO: 275, *G. hirsutum* TC60118
 MANNPNESPADDFFLEQILGLSHFAPSETGLAGPDGRILSGNATTAGAPMILLQLSSGGTGHIAGG
 GGGGAFHGQVFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSSKFRNEVVDGRAFSVKNVFHGPVPATVAAGP
 HPPAMHPRVRARRQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRL
 QVKVLMSRLGAAGAVAPLVTDLPLSSVEDESGEGGRSQAWEKWSNDGTERQVAKLMEEDVGAAM
 QFLQSALKCIMPISLATAIYHTQVPTDTSSVVKPETNPPS

SEQ ID NO: 276, *G. hirsutum* TC60119
 MANNTNEAAPAADDFFLEQILGLNFAPSETGLAGSDAGLAATAAGAGAPMFLQLSSGDGAHIGGIG
 GGGGGAFHGQVFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSGKFRNGVVDDRASSVKNVFHGPQMQATVSAA
 PHPPPTMRPRVRARRQATDPHSIAERLRRERITERIRALQELVPSVNKTDRAVMLDEIVDYVKFLR
 LQVKVLMSRLGGAGAVAPLVTDIPLSSVEYESGEGGRSQAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAA
 MQFLQSALKCIMPISLATAIYHTQVPTDTSSVVKPETNPPA

SEQ ID NO: 277, *G. hirsutum* TC61833
 MANNPNEASADDFFLEQILGFPNFAPSETGLAGPDGGLTGTTAGAGTPMFLQLSSGDGASHLGGIGG
 GGGGAFPGQVFPLGLSLDQGKSGGFLKPEEGGGSSRRFRDEVVDGRASSVKNVFHGPMPATVAP
 SPHPPTMRPRVRARRQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAVMLDEIVDYVKFL
 RLQVKVLMSRLGGAGAVAPLVTDIPLSSVEDESGDDGRNQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGA
 AMQFLSKALKCIMPISLATAIYHSQPLDTSSIIVKPETDPPP

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 278, G. hirsutum TC67603
 MQPCSREMQAMNSLLNPTQQIPLQDLQINGNRHHHQIHPVSSSQFQYPTPTSTTHDDSFLEQIL
 SSTSFSFPWSDETGPNPEDNNNAAGFNYDEMVLAASKLRQHQINGGAAGNPFAAMKMMLMQQQQQQQ
 QMMLAGRPTVASAAAGGGITTNHQGGEQSMQALYNVFGDGLHGTMQAKSFVGANSATEMTQSQGS
 GPTAGEAVTAPEKPKQRVRARRGQATDPHSIAERLRRVRIAERMKAQELVNPANKTDKASMLDEI
 IDYVKFLQLQKVLSMSRLGAAAVAPLVSEGGGDCIQTSANGGSHPRNSNGDQTPSANDRIFTMTE
 HQVAKLMEEDMGSAMQYLQEKGLCIMPISLATAISSATSRSPNMINHENPANGSHLLIQSSGGDG
 PSSPSMSVLTQSATMGNGGLEGGAASVSKP

SEQ ID NO: 279, G. max TC229602
 MKPDEASASGKFRDDVVNDRAKHFHGQPMPTTMAPAAPHPPAIRPRVRAIRGQATDPHSIAERLR
 RERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGGAGAVAPLVTDIPLSS
 VEEEGGEGARNRPAWDKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFLQSKALCIMPISLASAIYQSQPPDT
 SSIVKPETNPPS

SEQ ID NO: 280, G. max TC205173
 MLQHQLLRDSGLLNMPPLSLPGNDVVVDASTFESPNSPGKASVQTLNGFAGSLHGVGQSSNQTQHF
 QHPQGSSNPMQGQNFGAVPAGGSATNQAPASGAAAGGAPAQPRQRVRARRGQATDPHSIAERLRR
 ERIAERMKAQELVNPANKTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSRLGGAAAVAPLVAADMSEGG
 GDCIQANGKSNGGGAQASTTNNTNQTTATTSDNLSLTMEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCL
 MPISLATAISTACPTRNVNVNPLINAAAGATHFPTAANPAGEGPSSPSMSVLTQSAIAGNDGAA
 SVSKP

SEQ ID NO: 281, G. max TA55042
 MAGNSGSEGGLGDDFFEQILAVPEAGTVGMLQLGTTGAFRGASGLMPLGLNLEQAAFLRHQVNVD
 DVVHVNVDDATIHQHHTLHNHNNNNSSPSSTAPITDRDSMHMRGLFSAFGQLHTPIRPTLPLPPP
 RQPQLHLHHHNQFQGQAAAAPASMAAMPQPPGIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKA
 QELVPSINKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGGAGAVAQLVADVPLSAVEGDQDIEGGA
 NEQAWDKWSNDGTEQQVAKLMEEDVGAAMQFLQSKALCIMPISLASAIFRMPQSEASTGIKPESN
 H

SEQ ID NO: 282, G. max TC207545
 MMLQLNSGDAATHLASFHAPPYQLGLSLDQGEGPFILTPEASGSGKFRDDAVDTRPNVFDGQPM
 PTTVPTAPHPPAVRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIV
 DYVKFLRLQVKVLMSRLGGAGAVAPLVTDIPLSSVEEEGGEGRNQPAWEKWSNDGTERQVAKLME
 ENVGAAMQFLQSKALCIMPVSLASAIYQSQPSGTSSIVKPETNPPS

SEQ ID NO: 283, G. raimondii TA13791
 MANNPNESPADDFFEQILGLSHFAPTETGLAGPDGRLSGNATTAGAPMILLQLSSGGGTGHIGAIGG
 GGGGAFHGQVFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSSKFRNEVVDGRAFSVKNVFHGQPVATVAAGP
 HPPAMRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFL
 QVKVLMSRLGAAGAVAPLVTDLPLSSVEDSEGGGRSQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEEDVGAAM
 QFLQSKALCIMPISLATAIYHTQSPDTSSVVKPETNPPS

SEQ ID NO: 284, H. petiolaris TA1140
 MSTDPPPEGYGGDFLEQILAI PSYNITGCLPVNTADTGSETVSVHHQQQQPQQQLQPQKFPLGLSL
 DNGRETIIGGAFAGQQQLQQQQRERGGSNMNSGLFPQFENLQSHSLLHTVPQGFQGQPTSSTAVT
 VPHPPTIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMRALQELVPSCNKTDAAMLDEILDYVKFL
 RLQVKVLMSRLGGAGAVAQLVSDVPLQSVEGDGSENGYNNQQQGQAAWENWSNDDTEREVAKLME
 EDVGAAMQFLQSKALCIMPISLASLIYPNHPDVKEPEPSAPS

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 285, *H. vulgare* TC140470
 MNYS DGS SFFF SWPGNSASENYSFVDGSV ESYTEEGS MPTTGYFRARSQNLT FDEHEQN PAM LANG
 CLPYNTQ TDLSGEILSDDKPSNSLVELSQLQNNVCLQNNLIPPGTLQCNSTPGTFDLQLDTPG LLL
 ELPHALSSSIESNGSEVSAFLADVQAVSSASTLCSTFQNVPSYMEPVSLEAFSFQGMQNAAMFNNA
 SHSNGNLSVDFEATMASLHDSKEFLNGSISLLGTGQSQSLAGGGLKAEEQQEQNTMCNIPLPSFVSA
 SQMAVSEA QGALI PSKTT SITHNNKSE YPI PISHSAD VQHKANSGNGNSASAKPRARARRGQATDP
 HSIAERLRREKISERMKNLQDLPNSNKADSSMLDEI IDYVKFLQLQV KVLSMSRLGAPGAVLPL
 LAESQTEGRSNPLSSPTTSQGLLDVAGPEDSLVFEQEVI KLMETSITNAMQYLQNKGLCLMPIA L
 ASAISNQKGTSAAAIPPER

SEQ ID NO: 286, *L. perenis* TA3490 part
 MATDPPEGYADDFLEQILAI PSYAGLPPVADVGTSSETTSFTSASAAGLQQPLFPLGLSLENGR DD
 TIGAFAGQQQQRERGGSMNMTGLFPSENLQSHSLLHSPQAFQGQSTTSTAVTVPHPPSIRPRVR
 ARRGQATDPHSIAERLRERIAERMALQELVPSCNKTDAAMLDEI LDYVKFLRLQV KVLSMSRL
 GGAGAVAQLVSDVPLQSVEGDTSENGNQPAWENWSNDTEREVAKLMEEDVGAAMQFLQSKALCI
 MPISLASLIYPPQT PDSNSHV KPETV

SEQ ID NO: 287, *N. benthamiana* CK293938
 MATNQPEGYADDFLEQILAI PSYAGLPPVADVGTSSETTSFTSASAAGLQQPLFPLGLSLENGR DD
 VSDAGAYAVKHEREGINIGNLYAGLEHLQSHAVRH AVPPVHHIQSFQGQPTTSTTMVPHSPAIRP
 RVRARRGQATDPHSIAERLRERIAERMALQELVPSCNKTDAAMLDEI LDYVKFLRLQV KVLSMSRL
 SRLGGASAVAQLVADIPLOSMEGDSAESKS NQHIWEKWSNV DTEQEVA KLMEEDVGAAMQYLQSKS
 LCIMPISLAALIYPTQQPDDMSMV KPEPAAPS

SEQ ID NO: 288, *N. benthamiana* TC7102
 MQAMNQYDPTSSHDDFLDQILSSVPSSSLCWPDLSKSWDPHHHHLSPPLPPNPSSGDDHQLPPSNP
 LQHFQYDDQSSSFLAAKLRLQHQITGGGGGGDAVAAA KALLQQQQLLSRTLAGNGLRSPTGASGD
 NGFLNMLNGDQNDSVGPNANDSSVQALFNGFTGSLGQNSSQPQHFLHPQGGRMQAQSFGAPATAP
 AMNQT PAASGSAGGGTTPAAQPKQQR VRARRGQATDPHSIAERLRERIAERMALQELV PNANKT
 DKASMLDEI IDYVKFLQLQV KVLSMSRLGGAAA VPLVADMSSEGREGNGRGGNGTASSNNDS
 MTVTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPISLATAI STATCHSRNPMI PNGNGGNPLLGGGG
 GLATNGGGEAGGPSSPKLSVLTQSATIGNGI DPSVKDATSVFEA

SEQ ID NO: 289, *N. benthamiana* TC7103
 MQAMNSQMSLQEENGASSGQNM SHFDPTSSHDDFLQQILSSVPSSSPWPDLSGGDGHFDDQSI
 FVASKLRQNQITGGGGGGAAAKALMLQQQQLLSRGPLL AGNGDQNDVGNPENEISVQALYNGFAGS
 LGQT SNQPQHF HAGGGSMQAQSF GAPA SSTMNQTPAASGGSAGGGQPKQQKV RARRGQATDPHSI
 AERLRERIAERMKS LQELV PNANKTDKASMLDEI IDYVRFLQLQV KVLSMSRLGGAAA VPLVAD
 RSSEGGGGDCAQANGGGRGSNGTSLANNDSM MTTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPISL
 ATAISTATCHSMKLNPNPLHGGGGSGSAAINGGGGPSSPSLSASTVQSATMGNGGA

SEQ ID NO: 290, *N. benthamiana* TC8633
 MANNPSEGPDFFDQILGF PAYNGAETNLAGSDAGAIPPA MLLQLNSG DASGQFS GMGLGV GLGGG
 GGFHHPSQSGSFPLGLSLEGGKSGFMKMDDVPAVPGRRFRDDVVDSRASSSVKPGFH QPMPSPMH
 PPAIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRERIAERIRALQELV PNVNKTDR AMLDEIVDYVKFLRLQ
 KVVL SMSRLGGAAA VPLVTEIPISSVEEEI SEGGNNQPAWEKWS SDGTERQVAKLMEENVGSAMQ
 FLQSKALCIMPISLASAIYHSQPPDTSSLIKPETNPPS

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 291, *N. tabacum* TC12771
 MATNQPGGYADDFLEQILAIPSYAGLPPVADVGTSSETTSFTSSSVAAGLQQPLFPLGLSLDNGR
 DDVSDAGAYAVKHEREGINIGNLYAGLEHLQSHAVRHAVPPVHHIQPFGQPTTSTTVTPHPPAI
 RPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERISERIKALQELVPSCNKTdraAMLDEILDYVKFLRLQVKVL
 SMSRLGGASAVAQLVADIPLQSVEGDSAESRSNQHIWEKWSNVDTEQEVALMEEDVGAAMQYLQS
 KSLCIMPISLAALIYPTQQPDDPSMVKPEPAAPS

SEQ ID NO: 292, *O. sativa* Os02g35660
 MGGFAFPFTPSPAWSRDAVFAGSPWAAGGVSSLADALVSYGAVIDDEEAFLGKTAASSPSTARLHE
 QQQLLEAEELLRGDGLGFAAMDDGGAAMILGALEPCAMPLTDGGPPVICSSSSNDSSGSEHSAA
 MPAGGGFLVGEQQQHVPPAAYAAGGVLPMSMAAGEETPQSFVGSFLFNGDLLQEATVSKYHHHQQQQ
 QLGVVPSQPHLNDDIDFNTGKLMFASGQQHVTPSIDSLQIDQKEFSSGLHHHLNLSSLISGPLA
 SFNATQSHRQPACCGGKNGGAAPFVNLSLEVLPKGNGSGSAGNGAPKPRVRARRGQATDPHSIAER
 LRREKISDRMKDLQELVPNKTNKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSRLGAAEAVVPLLTTQT
 ESPGFLLSPRSSSSGERQAGAGAVTGGLPGDQPELLDGGAMFEQEVVVKLMEDNMTTAMQYLQSKGLC
 LMPVALASAISAQKGTSAAVRPEKKNGDGDDGGEDEVKGEFDAPRRPPVGRPKEMRSRV

SEQ ID NO: 293, *O. sativa* Os02g55250
 MQPNARQMRRGGGGGGGGQDDFFDQMLSTLPAVWSELGSGKPAWDLTAGAVGGGGGASDDHSAAAF
 DDSALLASRLRQHQIDGGGDKPIMLQLSDLHRHHGLAAGDDSGGAAGFLPLSLFADRSQDDIDAAAF
 KSPNGARGDHALYNGFGAAGMHAAAAMQPFFGQGGSMSPAQSFGGGAAASGGGGGSASAAAAGA
 SSGGAAAPPQRQRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKAQELVPNANKTDKASMLDEIIDYV
 KFLQLQVKVLMSRLGGASAVAPLVANMSSSENGNGNATSSGNGEAANGSSNGDNNGGTLRVTE
 QVAKLMEEDMGSAQYLQGKGLCLMPISLATAISSATSSSLPRTGGGAGGSHEGGNGTSPLV
 NGTATGCCDAGVFFSVKFVVELSFLLNEDCRGKEESKLLVQKGP

SEQ ID NO: 294, *O. sativa* Os03g58330
 MAGQQPQQQGPEDDDFDQFFSLTSSFPGAAPGGRAGDQPFSLALSLSLDAAAAAASGSGKRLGVG
 DDAEGGGSKADRETQVLTGLFPPVFGGGGVQPPNLRPTPTQVFPQPKSQKGGAAVGPQPPPAPRPK
 VRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMRAQELVPNNTKTDRAAMLDEILDYVKFLRLQVKVLMS
 RLGGAGAVAQLVADIPLSVKGEASDSGGNQQIWEKWSNDGTERQVAKLMEEDIGAAMQFLQSKALC
 MMPISLAMAIIYDTQQTQDGQPVKEPNTPS

SEQ ID NO: 295, *O. sativa* Os06g08500
 MQPSSRDTVAGGGEGTQDDFFDQMLSTLPASAWADLGGGGGGAGKSPWEVDPAAAAASQVFDES
 ALLASRLRHHQIGGAGGGGEKPVMLQLSELHRQAGGGEEDGSGAFSPPLFTDRTNVPPREEMEG
 GFKSPNAAAGGEHALFNGFGVHGSGGGAGQPPFGQLRERIAERMKSQELVPNANKTDKASMLDE
 IIDYVKFLQLQVKVLMSRLGGAGMAPLVAAMSSEGSNSNGSSNGGKASKGGTGGEGGGGGGG
 GGGGTGGGMRVTEQQVAKMEEDMGTAMQYLQGKGLCLMPISLASAIISSATSSASILSRPSIRHAG
 APPQTMLADAAGPTSPAAMSNGDDPRHAKADGGAGGTQ

SEQ ID NO: 296, *O. sativa* Os06g09370
 MDYSAWSYMWPGNSGENYNFVDGSSSESYAEAGSLPPSGYFMGAGSDRSIKITENERNPTMLANGC
 LPYNTQAHPLSGQILPKGELPNLNLQQLQNSNLSNSIPPGVLQCNSTSGBTDAKLDTPLGLAE
 LPHALSSSIDNSGSDISAFLADVHAVSSAPTLCSAFQNVSSFMEPVNLDAFGFQGAQNVMNLNTS
 LPNGNPSLFDNAIAISLHDSKEFLNGGSIIPSGFTVQLQALGAGGLKAAQQEQNIRNIPLPTFTSGSH
 LAVTDAQGPPLPSKIPPLIHDHNSEYPINHSSDVEPQANSAPGNSANAKPRTRARRGQATDPHSIA
 ERLRREKISERMKNLQVLVPNSNKADKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSRLGAGVAVLPILLRES
 QTECHSNPSLSASTISQGPPDMPDSEDSSAFEQEVVKLMETSIIISAMQYLQNKGLCLMPIALASAI
 SNQKGMAAAAAPPEK

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 297, O. sativa Os09g25040
 MAAAAAAAGQIISLDDLRLNGGVAANAGGGGVHDDFLDQMSSLPPSAWPDLAAGKAAEDDAEGMHH
 HHHQQQQQFGGPYDESAMLASRLRQHQISGGGGGGGGAAAVKQMVILQLADLRQGHMMMLQGLGG
 RSPAGGGGGGGDGGLLLPLTLGGSGSGDVQALLKAAAANSAGGGDAGGVYGGGFAGSLHQQQHF
 QPHPTAPTIPTQSFGGGGGGGGGTASGGAAQPQAGAAGGGAPAPPRQRVRARRGQATDPHSIA
 ERLRRERIAERMKALQELVPNANKLMQTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKASTYTKLЛИHVLSMSRL
 GGAAAVALVADMSSEGRGGAANGGAPAAAGSDSILTVEQQVAKLMEEDMGTAQMQLQGKGLCLM
 PISLASAISSATCHLRPPVVAACQFPAGLGAACAHHLQLSAAAAAMRGHLPGLNADGSVPA
 SPSMSVLTAQSAMANGGGAADGEGLSQLKDAASVSKP

SEQ ID NO: 298, O. sativa Os07g08440
 MAGQQPPTGGAEDDDFDHFFSIPSAAGAGGVGGFGSGDHHPFLALSLDAEGAGAARRLLDGHH
 DGGRTDRDPVQLAGLFAPVFAGVQPPHLRAPPPPQVFHAQPKPGEAGMAAPQPQQPPAPRPKV
 RARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKRALQDLPNTNKTDRAAMLDEIIDYVKFLRLQVKVLMSMR
 LGGAGAVAQLVADIPISVKGEASDSGSKQQIWEKWSTDGTEKQVAKLMEEDIGAAMQFLQSKALCM
 MPISLAMAIYDTQHSQDGHSVKEPNTPS

SEQ ID NO: 299, P. abies DV982110
 MLPLPLSLQAGKSGDMNEPGSREEIEASFKSVNNDARSNLGLFQPFAVSPRGVRPTGQNFHAQP
 GQVPLQGYGGMPQPHQNPPPTGVGAAPPVRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKALQEL
 VPNSNKTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSMSRLGGAGAVAPLVADIPIAEGANAPQGTRTNGSQN
 SSPDGLALTERQVAKLMEEDMGTAQMQLQGKGLCMLPISLASAINNSSRPQAPSTPSXXLLASN
 VNDRQVLEPS

SEQ ID NO: 300, P. deltooides TA3263
 MANNPTEPPADDLQEILGMPNFASAEAGLVGADAGLAGAAAAAQSMLQLSSGDGSIGHSDLGGA
 PGGSAGFHGFPLGLSLEQKGKGFLKPEEASGSKFRDEIVDGRAKNVFHGQPMPTTVAIAPHPP
 AMRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSNKTDRATMLDEIDYVKFLRLQVK
 VLSMSRLGGAGAVAPLVTIDPLSSVEDETGEGRNQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFL
 QSKALCIMPISLATAIYHTQPPDTSIVKPETNPQS

SEQ ID NO: 301, P. radiata WO2005001050 seqID516
 MSLLPPGIGGQGLNSQENDPYPYDDSQFLANRLRQHQLSGNNSMNQTPNQASQGINETNTSPGRSM
 VLQLSTGSASASQLASMGNSPRGTAVMTQSPSTGGSCNGSDGGMLPLPLSLQAGKSGDINESRS
 RDEIEASFKSANHARDNSNLGLFPPFAASPRGVRPTGQNFHTQSGQVMQVYGGMPQPHQNPSPT
 GVGAAPPVRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKALQELVPSNKTDKASMLDEIIDYVKF
 LQLQVKVLMSMSRLGGAGAVAPLVADIPIAEGANAPQGTRTNSSQNSSPDGLALTERQVAKLMEEDMG
 SAMQYLQGKGLCMLPISLASAINNSGARPQAPSTPSLQGLLPPNANDRQILEPSNSALSALTSTM
 TIQSSISSPGSGITEQGDNAHKAVNGTRNPKDSREANSVTKSNGIGGPALSNAVKGEDEPQRRTG
 Q

SEQ ID NO: 302, P. sitchensis TA14134
 MDDIFDQQLSSSWEDINGADRSSLSSAGGPTNCLPGDSMGTLQASSRVSTMSVTPSSHMSPNLEG
 QAQNNDVQNSSSSVIAENTPYLLKELLVCQSATDPHSIAERERERRERIAKNLKSLQELVPNANKTD
 KASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSMSRLGGAGAVAPLIADVAEGSGSILASAALGQAGGSLSQDGIA
 FEQNVVVKLMEKDMTAAMQYLQNKGLCMLPIALATAISSSTGKPLLGSVTVNVDSTS DRQSSGNQP
 ASLTVDSCEGALGMGSAGFGSDFLLKENTVEKRGRELVPTAESNGAEFGISSLPLKLRKKE

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 303, P. taeda TC68930
 MLARENRSQDTEHDDLQGTLLTSYTGPQGGQTLPRTPGAQSQQNLSTOTIQSGEGTSIQQYGNH
 SAVSQLQSGAGGGNAANGAARPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKSLQELVPSNKTDA
 SMLDEIIEYVKFLQLQVKVLSMSRLGGAGAVAPLIADVPSQGSQGMSTALGQASGPLTLSQDG
 FEQÉVARLMESENMTSAMQYLQNKGLCLMSIALATAISSSSGKPVLATVPGTVDSSEKQNSDMQS
 I VLPFSSSTTMGLRATASGSDAPINENSINKASIEKVVAEKSGNISPLSSDVPKGQSREELLK
 RAQ

SEQ ID NO: 304, P. trichocarpa scaff II. 416
 MANNPTEPPTDDFLQEILGMPNFASAEAGLVGADAGLAGTASVQAPMMQLQSSGDGSGHISALGGA
 PGGGGAGFHGFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSGNRFRDDIVDGRVRNVFHGQPMPTTVTAATHPP
 AMRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVK
 ILSMSRLGGAGAVAPLVTIDIPSLSPVEDETGEGRNQLAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFL
 QSKALCIMPITLATAIYHTQPPDTTIVKPETNPPS

SEQ ID NO: 305, P. trichocarpa scaff 70. 65
 MAGNPPPEGLGDDFFEQILAGQPPGYGGEAVGSTSPLPMGLQLGSSAANVGLMRSSANNMGMMP
 GLNLEHHGFLRQQQDDGSSLDTNNNNINASPFITSAGFLGRDSVHMTSLFPTFGQLQIHSSI
 RSAPPPLGPPQIHQFNQSPQPTSGAVSAVPQPPGIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRVRITERVKAL
 QELVPTCNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLSMSRLGAAGAVAQLVADVPLSSVQGEGIEGGAN
 QQAWENWSNDGTEQEVAKLMEEDVGAAMQLQSKALCIMPVSLASAIFRARPPNAPTLVKPESNPP
 S

SEQ ID NO: 306, P. trichocarpa scaff XIII. 403
 MAGNPPPEGLGDDFLEQILAAQPPGYGGGEGVMGSTSLPMGLQLGSCAGNVGLRSANNNMGMM
 PLGLNLEHHGFLRQQQDDGSSLDTNNNNINNTPPSIKSARILGRDSVHMTSLFPTFGHLQIHSS
 IRPTPPPPGPPQIHQINSHPNPGAVSAVPQPPGIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRVRITERVK
 LQELVPTCNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQIKVLSMSRLGAAGAVAQLVADVPLSSVQIKGEGNEG
 GANQQSWENWSNDTEQEVAKLMEEDVGAAMQFLQSKALCIMPISLASAIFRARPPNASTINTES
 NTPS

SEQ ID NO: 307, P. trichocarpa scaff28. 86
 MISSNQSVESLATQDTSSVVLGSESODYAVDKVLISEQARLQNDCQNCNGNPSPDGMARGNLKFGNT
 GLQCNGILPTLSSLNYPNQLPIVGDLTSYLSFSEASNAGCNGREQSEYRLSLKNLQNLSIPQLWP
 SQSYEGVSSLPPPLMGQDRIEGSGLRGGNLDDDMHIMGKGYGMGDEILRLDKLSASPTEGKEDLQS
 CFPSSGIAEPNVNMSMNQLSSMPQTTSAAPVECGNGTGKTRVRARRGHATDPHSIAERLRRKIAE
 RMKNLQELVPSNSNKVDKASMLDEIIIEYVKFLQLQVKVLSMSRLGAAGAVIPLLTDGQPEGHNSL
 SPSAGLGIIDISPSADQIAFEQEVKLLESDVTMAMQYLQSKGLCLMPIALAAAISVKASLSGTT
 EERKNNGYTSGLVSSSSITGIDTHPMNSNDNNIATGTLSSKGIVNGCNEVVVKQEVLKNT

SEQ ID NO: 308, P. trichocarpa TC63334
 MANNPTEPPTDDFLQEILGMPNFASAEAGLVGADAGLAGAAAAAQASMMQLQSSGDGSGHISDLGGA
 PGGSAGFHGFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSGKFRDEIVDGRAKNVFHGQPMPTTVAIAPHPP
 AMRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVTKTDRAATMLDEIVDYVKFLRLQVK
 VLSMSRLGGAGAVAPLVTIDIPSLSSVEDETGEGRNQPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFL
 QSKALCIMPISLATAIYHTQPPDTTIVKPETNPPS

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 309, *P. trifoliata* TA5414
 MQPCSSGGEMQGISSLNSGSHEQQSQIHQSATFDPTSQDDFLEQMLSSLPCSWTDLKSPWGUVVD
 LNPNNNNNNINNKQPRDLSDETAPSTTQENNVPAGFQFDESMILASKMRQHQISGNTGSGNNNSAA
 AKFMMQQQQQQQIMMAAARGGIGPLSLGNNGNDIVDASSFKSQQGGDGSVQALYNGFTGSLHGS
 TQPQHFHHLQGGSMPGQTFGAPGPVMNQTQAQASGSTGGGGNTPAQQPKQRVRARRGQATDPHSIA
 ERLRRERIAERMKALQELVPNANKTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLSMSRLGAAAVAPLVADM
 SSEGAGGGDCIQANGRNPNGAQTSANDSLTVTEHQVALMEEDMGSAMQYLQKGKGLCLMPISLAT
 AISSATCHSRNPIIISTSNNNNNNPNNPLFQSNGEGPTSPSMSVLTQSATMNGGADGSVKDA
 ASVSKP

SEQ ID NO: 310, *R. communis* TA1616
 MAGNPPPEGLGDDFFEQILAVQPGYGGGDGGGGDVVGSTMPPMMGLQLGSASSGGGLRTNNMGMM
 PLGLNLEFLRQQEDGSGLDNNNHTNNNNNVSSSTSVINDRDSVHMASLFPTFGQLQTQLRPP
 PPPHLHQPFHGQPTPGVSAASQPPAIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKALQELVPT
 ANKTDRAAMIDEIIVDYVKFLRLQVKVLMSRLGAAGAVAQLVADVPLASVEGESIDGAAANQQTWE
 KWSNDGTEQQVAKLMEEDIGAACMQFLQSKALCIMPISLASAILRTHPPDAPSIIKPESTNPPS

SEQ ID NO: 311, *R. communis* TA2825
 MANNPTEPPADDLQEILGLPNFASADAAGLGVGADGALATPMMQLLSSGDGSNHITALGGGGGGGG
 GAGFHGFPLGLSLEQGKGGFLKPEEASGSGKRFRDDVVGRANTVKVNFHGQPMPTTMAAPHPPT
 MRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIIDYVKFLRLQVKV
 LSMSRLGGAGAVAPLVTIDIPLLSVEDETGEGRNQPAWEKWSNDGTERQVALMEENVGAAMQFLQ
 SKALCIMPISLATAIYHTQAPDTSTIVKPETNPPS

SEQ ID NO: 312, *S. bicolor* TC104646
 MAGQPPPPGGSEDDFLIEHFFAFPSAASAAAGGHAGAGAGGGDHPFPLALSLDAAAEPKPDRCPVQLA
 GLFPVVFAAGGGVQQPHLRGPPPQMFQAQPKPGEggmaPQPPAPRPKVRARRGQATDPHSIAERL
 RRERIAERMRALQELVPTNKTDRAMLDEIIDYVKFLRLQVKVLMSRLGGAGAVQLVADIPLS
 VKGEASDGGSTQHIWEKWSTDGTEKQVALMEEDIGAACMQFLQSKALCIMPISLAMAIIYDTQHSQD
 GHSLMKPEPNTSS

SEQ ID NO: 313, *S. lycopersicum* AK247217
 MANNPSEGPSDDFDQILGPAYNGAEPNLAGNDAGAIIPPAMMLQLNSGDSSQFTGVGLGVGLGG
 GGFHGHGGGGSFPLGLSLEQGKGGFLKMDDVSAPGRRFRDDVVDSRASSSVKPGFHGQPMPSMPHP
 PAIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIIDYIKFLRLQV
 KVVLMSRLGGAGAVAPLVTIDIPLISSVEEESSEGGNNNQPAWEKWSNDGTERQVALMEENVGAAMQ
 FLQSKALCIMPISLASAIYHSQPPDTSSLVVKPETNPPS

SEQ ID NO: 314, *S. lycopersicum* TA21665
 MADNPPEVYAADDFLEQILAIPSYASLPVTDLTAGASSENSTSGVSQLOQQPLFPLGLSLDNGFAD
 ANNTGGFQVKTEREAMNMGNLYPGLEHHLQSHAVCLSVPQHVQVQPFQGHPTSSAIVTIPHQPAIRP
 RVRAQRGQATDPHSIAERLRRERISERIKALQELVPSCNKTDRAMLDEIIDYVKFLRLQVKVLSM
 SRLGGTSAAAQVVAIDIPLQSVEGDTCEHSNQHVWEKWDSETEQEVALMEEDVGTAMQYLQSKS
 LCIMPISLAALIYPTQQSDNQSMVKPEQAAPL

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 315, *S. lycopersicum* TC172581
MAANQPEGYADDFLEQILAIPPSGLPVADVGTPSETTSFTSASAVSHLNSAAAAGLQQPLFPLGL
SLDNGRDDVGDAGPYAVKHERDMNIGNLYAGLEHLQSHAVRHSPVHHVQPFQGPPTTSTTVTV
PHPPSIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERISERIKALQELVPSCNKTDRAAMLDEILDYVKFLR
LQVKVLMSMSRLGGASAVAQLVADIPLNLWEGDSGESRSNQHIDKWSNVDTEREVAKLMEEDVGAA
MQYLQSKSLCIMPISLAALIYPTQQPDDQSLVKPEAAAPS

SEQ ID NO: 316, *S. tuberosum* TA30646
MANNPSEGPSDDFFDQIMGFPAYNGAETNLAGNDAGAI PPAMMLQLNSGDGSGQFTGVGLGVGLGG
GGFHGHGGGASFPLGLSLEQGKGGFLKMDDVSAAPGRFRDDVVDSRASSVKPGFHGPMPSPMPHP
PAIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQV
KVLSMSRLGGAGAVAPLVTDIPISSVEESEGGNNNQPAWEKWSSDGTERQVAKLMEENVGAAMQ
FLQSKALCIMPISLASAIYHSQPPDTSSLVVKPETNPPS

SEQ ID NO: 317, *S. tuberosum* TA28621
MAANQPEAYADDFLEQILAIPSYGLPVADVGTPSETTSFTSASAVSHLNSAAAAGLQQPLFPLGL
SLDNGRDDVSEAGAYAVKHERDMNIGNLYAGLEHLQSHAVRHSPVSIHHVQPFQGPPTTSTTVTV
PHPPSIRPRVRARRGQATDPHSIAERLRRERISERIKALQELVPSCNKTDRAAMLDEILDYVKFLR
LQVKVLMSMSRLGGASAVAQLVADIPLQSVEGDSGESRSNQHIDKWSNVDTEREVAKLMEEDVGAA
MQYLQSKSLCIMPISLAALIYPTQQPDDQSLVKPEAAAPS

SEQ ID NO: 318, *S. tuberosum* TA34455
MQAMNSLLSQQQQSQMSLQDLQNGNGGSTGGVGGLGQHNMGHFHFDPPTSSHDDFLEQILSSVPSS
SPWPDLSKSWDPHHHLSSPPHPNPSSGEDQPPSNPLHSQFYHDDQASSLASKLRQHQITGGGAAAA
AKALMLQQQLLSRTLGNGLRSPNGASGDNGLLSLPLNLSNNGDQNDGVANPANDNSVQALFNGF
TGSLGQTSNQPQHFHHPQGGSMQSFGAPAMQTPAASGSAGGGGSTPAAQPKQQQRVRARRGQA
TDPHSIAERLRRERIAERMKAQELVPNANKTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSMSRLGGAAAV
APLVADMSSERGEGRGEGRGGNGTAASSSNKETMTVTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLCLMPI
SLATAISTSTRIPPLSPEAGRPAAPTSLALTQVSATIGNAACKDATSLFEA

SEQ ID NO: 319, *S. tuberosum* TA37666
MQAMNSFQSTGENGASSGEHISHSHFDPSSSHDDFLQQILSSVPSSSPWPEISGDGHPYNFDDHQST
TLASKLRLHQTINGGSSAAAAKALMLQQQLLSRGIAGNGGDQNDGLNPGNDISVQALYNGFAG
SLGQTSNQSQHFHHQSQSFQAPAASTMNQTPAASGSAGGAQPKQQKVRARRGQATDPHSIAERL
RRERIAERMKSLQELVPNANKTDKASMLDEIIDYVRFLQLQVKVLMSMSRLGGAAAVAPLVADRSSE
GGGDCVQGNGGRGGSGNTTSSANNNDSSMTMTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQGKGLSLMPISLATAI
STSTCHSMKPNNPLLLGGGSAINGGGETGGGPSSPTLSASTVQSATMNGGT

SEQ ID NO: 320, *T. aestivum* TC253044
MLLCSTIQVIQMGNLSVFDEATMASLHDSKEFLSGSISSFGTAEQSQLAGSGLKAEQQEQNAMCNIP
PLPFASGSQMAVSEAQQGAMIPSKİSSTIHNNKSEYPVPIHSADAQNKANSANGNSASAKPRARAR
RGQATDPHSIAERLRRERKISERMKNLQDLVPNSNKADKSSMLDEIIDYVKFLQLQVKVLMSMSRLGA
PGAVLPILLAESQTEGRSNSPLOSSPTASQGLLDAAGPEDSLVFEQEVIKLMETSITNAMQYLQNKGL
CLMPIALASAISNQKGTSAAIPPER

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 321, V. vinifera GSVIVT00016367001
MDEYLDHLFSSTSWSDVNVKEGSSWICGEPSQTNGLSDS1G1YEGDKKNSPVGMTNSNLMIEGLV
TQDTSS1VLGGEVDHGLGKGLL1EEAPRQQDLQNTEGNSSLNGAVNGSSEVGVGLQLNTPTSTPC
SLDLGSPKQLSLIGGMSRSPFTEDHVGCGNEPSDFQRSGVGNFQALPPIPQLWSQPSYGGGSS
LSPVMGEYKMQGFGLQGEYVDNEMDIMRNRYVGDEILQLDNISSA1PIKGKEEQHTHPFSPSAVGP
HMTMTASGLQSLPQTTCGTASGCCNGTGKPRVRARRGQATDPHSIAERLREKIAERMKNLQELVP
NSNKTDKASMLDEIIEYVKFLQLQVKVLSMSRLGAAEAVVPLITDGQAEKGKGLSLSPSAGQAEDI
CQSPDQIAFEQEVEVKLMESNVTMAMQYLQSKGLCLMPIALATAISSGKAASSGTGSDEGKNAATPV
AATPVATAYLALGHIIHLLMAMF

SEQ ID NO: 322, V. vinifera GSVIVT00017237001
MLSTLPSWSDL PANPKSPWELNASNPISMPNSKSRDLSDTTPSNPDNVQFAFDESAMLASKLRQH
QISGNSSAAKSALMLQQQLLSSRGVAMGRSPSNCGAGEGSSLQLPLSLSNGDSCLVDRSQNDVVD
GSSSFKSPNQGGDGSVQALYNGFAGALHGSQASNQANFHHPQGGSMQAQNYGAPATRVRARRGQ
ATDPHSIAERLRRERIAERMKALQELVNPANKTDKASMLDEIIDYVKFLQLQVKVLSMSRLGGAAA
VAPLVADMSSEGGGDCIQASGTSGPTGGRATNGTQTTTSNDSTVTTEHQVAKLMEEDMGSAMQYLQ
GKGLCLMPISLATAISTTCHSRNPVAAAAVAASNINNGSHTHPLLPSNADGPSSPSMSVLTQ
SATMGNGLADAPVKDAASVSKP

SEQ ID NO: 323, V. vinifera TA46156
MASNPSEAPADDFFLEQILGIPTYPAADPNLAANDVNLAAPMVLQLSGEGSGHIAAGGYQGTMFPLG
LRLEQGKSSFLKPEDASGSGKRFREEVIDGRASTVKNAFHGQPMQATVAAAPHPAIRPRVRARRG
QATDPHSIAERLRRERIAERIRALQELVPSVNKTDRAMLDEIVDYVKFLRLQVKVLSMSRLGGAG
AVAPLVTDIPLASVEEEASEGGRNEPAWEKWSNDGTERQVAKLMEENVGAAMQFLQSKALCIMPIS
LASAIYHSQQPDTPPLIKPQTNPSS

SEQ ID NO: 324, V. vinifera TA46194
MATNPPEGYADDFFLEQILAIPSYPGHDPMVGTVGSTMVLQLSSGDGSGHVAGGGFQGPVFPLGLSL
ESGIPATQVPGSGERFRDDVDARGSSGRSERESVHLDGLFPAYGHVQSLSVRPAVPQVHQAFHGQ
PTPVPITAAPHPPAIRPKVRARRGQATDPHSIAERLRRERIAERMKALQELVPSNKTDRAMLDE
IVDYVKFLRLQVKVLSMSRLGGAGAVAQLVADIPLAVEGETGEGGSNQQAQWDKWSNDGTEREVAK
LMEEDVGAAMQFLQSKALCIMPISLAAIYPAHQTDPTLIKPEPNAPS

SEQ ID NO: 325, Z. mays TA139285
MAGQPPPQGPEDDFFDQFFSMTAGGSYPGATAGGGRAPGDQPFSLALS LDAAAEEASGSGKHADGG
KADREAIQLPGLFPPAFGGGVQPPHLRATPPTQVFHAQQPKQGGAAVGPQPPAPRPKVARRGQAT
DPHSIAERLRRERIAERMKALQELVNPNTNKTDRAMLDEILDYVKFLRLQVKVLSMSRLGGAGAVA
QLVADIPLSVKGEASDSGSKQQIWEKWSTDGTERQVAKLMEEDIGAAMQFLQSKALCMMPISLAMA
IYDTQHSQDGQPVKPEPNAPS

SEQ ID NO: 326, Z. mays TA126400
MAGQPPPQGASEDDFLEHFFAFTPSSAASAGAAGGHAGAGVGGDHFPFLALS LDAAAEEAKPDRDPVQL
AGLFPPVFAAGAGGVHQPHLRGPPPPQMFQAQPKPGEGGMAPQPPAPRPKVARRGQATDPHSIAER
LRRERIAERMKALQELVNPNTNKTDRAMLDEILDYVKFLRLQVKVLSMSRLGGAGAVAQLVADIPL
SVKGEAGDGGGAPQQQQQHVWEKWSTDGTEKQVAKLMEEDIGAAMQFLQSKALCMMPIVSLAMA
DTQHPLDGHGHSLKPEPNASS

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 327, A. cepa TC3698

CACTTCACTTCCCCTTCTTCATTCATAACCTACAAACCCTAGCTCAGTTACTATTTAAA
 AATGGCGTCTAATAACAACCCGCAACCTCCCTCGATGGACTCAACGACGACTTCTCGACCAAT
 TTTTCATGCCCTCCGCTTCCGCTCTCAGCCTACTGACGCCACCGAAGCTCTCAACTA
 TGCTGATTCCCTCCACCCTGGGTTACCCCGATGTTCTCACTTGGCCTCAGCTGGATCAGCAGCC
 TAAGTCTGATTCTGCCCATACTGAAAGAGAGCATCCGGTCAAGTTGCTTGCTTCCACAGTA
 TGGGCACAATAATCAAGTTCATCAAACCCGGCTAATCTTCTCCTCTCAAGTCTTCATGGACA
 AGCAATGCAGAGCAGTATGGCTGCAACACCAACCTACAGGTCCACGGCAAGGGTTAGGGCTAG
 GAGAGGCCAAGCTACCGATCCTCATAGTATAGCTGAGGCAATTGAGGAGGGAAAGAATAGCAGAAAG
 GATTAGAGCTTGAGGAATTGGTGCAGCACTAAATAAGACCGATAGAGCTGTGATGCTGGATGA
 AATTGTAGAGTATGTGAAATTCTTGAGGCTTCAGTAAAGGTAAGCATGAGTAGACTAGGTGG
 TGCTGGTCTGTCAGCTGGTAGGGATATCCCTATGTTCTCAGTTGAGGGTATTCAAG
 TGAAAGTGGGAAGACAAGCTACCAAGGGGGAAATGGTCAACCGGACGGCACCGAGCGTCAGGT
 GGAAAACAATGGAAGAAGATGTAGGGCTCAATGCAATTCTCCAATCAAAGCCCTCTGCAT
 CATGCCCATATCTTACAGCTGCAATTGTCACCGAAATCTTCAACCGAAATCTTCACTG

SEQ ID NO: 328, A. thaliana bHLH007-11-AT1G03040

GTCCTGTCCTCTCCCTCATTAAGCATCATCATTCTCCTACCTAACAACTCCACACAAG
 ATTCTTCGCGATGGAAAGTGTCTTCGACTCTCTCTCAACTCGCTATCTTTAACTCACCCAG
 CTCCACTGAGTCGAAATTCTCAACCTTACTCGTTCTCATGGCTAATAACAACACATCCCA
 CATGATAGCATCTCCGATCCATCTCCTACCGACGATTCTCGAGCAGATCCTCGGGCTTCCAC
 TTCTCCGGTCTTCAGGTTCTGGTCTCTCTGGAAATCGGGCGTGGGTCACCTCCGATGATGTT
 CAGCTGGGTCAGGCAACGAAGGGAAATCATAAATCATATGGTGCCATTGGAGGAGGTGGACCTGTA
 GGGTTCTATAATCAGATGTTCCGGGATTAAGTCTCGATCAAGGAAAGGACATGGCTTCTT
 AAACCTGATGAAACTGGTAAACGAGCTTCCAAAGACGATGTTCTGATAATCGATGTTCTCTATGAAA
 CCTATTTCCATGGGCAGCCAATGTCACAGCAGCTCCACCATGCCATCAACAGTCTACTATT
 CGCCCTAGAGTTAGGGCTAGGCAGGTCAAGCTACCGATCCACATAGCGATCGCTGAAGGGCTCCGA
 AGGGAAAGAATAGCAGAACGGATCAGGTCGTGAGGAACCTGTACCTACCGTTAACAGACAGAT
 AGGGCTGCTATGATCGACGAGATTGTCGATTATGTAAGTTCTCAGGCTCAAGTTAGGTCTG
 AGCATGAGCCGTTGGTGGAGCCGGTGTGTCGACCAACTAGTCACTGAAATGCCATTATCTCA
 TCAGTTGAGGATGAGACGCAGGCCGTGTGGGAGAAATGGTCAAACGATGGGACAGAGAGGCAAGTG
 GCTAAGCTGATGGAAGAAAACGTTGGAGCAGCGATGCAACTTGTCAAATGCAAGGCTTTGCATA
 ATGCCGATCTCATGGCAATGGCATTTCACATTCTCAGGCCACAGACACATCTCTCAATCGTC
 AAACAGAGATGAATCTCCACCGTAGATTGTTCTCATCCAACGGTCCCAGCTGATGATTGACA
 TTTGCTCTGTTCCACTACTAGACTTTGACTCATGAAAGGTAAGTAAAAGGCATTGGAGA
 TGGAACTAAGTAGGATTGCACTAAAGAAGTAAAAGGGATCTGCAAAAGAAGGAAAAGCT
 CTCGCTTGCTTGGCTAGTATTTGATGAAAGTAACCTTTTGTCAAAGACTTTAGT
 GTGATTTCAAGGACCAAGGGCTTGAGGGTAGTGTAGCTGAGTAATGAAAGGTGTGGGA
 TCGTGTCTGAATTATGAAAAAGGAAGAAAAACAAATGTTGGTATTATATTATGGTTTGCC
 TCTC

SEQ ID NO: 329, A. thaliana bHLH059-11-AT4G02590

GCTCCTTCTCGCTCTGCTTCTCGCTCATTGTTAAAGCATCAAAATTCTCATCAACCCA
 AAATAGATTTAAACATCTGATGTTGCACTGTTGATGAAATCTCTTGAAGGTTCTAACCTGTTAA
 TCGTAACTCACAGTGAACGTTGAGTCAAAGTCTCTGCTTTAGCTCAACCATGGCTAGTAACA
 ACCCTCACGACAACCTTCTGACCAAACCTCTGATGATTCTCGAGCAAATCTCGGCCTC
 CTAACCTCTCAGCCTCTCTGCCGCCGGTTATCTGGAGTTGACGGAGGATTAGGTGGTGGAGCAC
 CGCCTATGATGTCAGTTGGGTTCCGGAGAAGGAAGTCACATGGTGGCTTAGGAGGAAGTG
 TCTC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

GACCAACTGGGTTTACAATCAGATGTTCTTGGGTTAAGTCTGATCAAGGAAAGGACCTG
 GGTTCTTAGACCTGAAGGAGGACATGGAAGTGGAAAAGATTCTCAGATGATGTTGATAATC
 GATGTTCTTCTATGAAACCTGTTCCACGGGCAGCCTATGCAACAGCCACCTCCATCGGCCAC
 ATCAGCCTACTTCATCCGGCTCCAGGGTTCAGCTAGGGCTAGCTGATCCACATAGCA
 TCGCTGAGCGGCTACGTAGAGAAAGAATAGCAGAACGGATCAGGGCGCTGCAGGAATTGACTA
 CTGTGAACAAGACCGATAGAGCTGCTATGATCAGTGAGATTGTCATTATGTAAGATTCTCAGGC
 TCCAAGTCAAGGTTTGGCATGAGCCGACTTGGTGGAGCCGGTGCGGTTGCTCACTTGTACTG
 ATATGCCCTTTCATCATCAGTTGAGGATGAAACGGTGAGGGTGGAAAGGACTCGCAACCAGGT
 GGGAGAAATGGCTAACGATGGACTGAACTGCAAGTGGCTAAACTGATGGAAGAGAACGTTGGAG
 CGCGATGCAAGCTCTTCATCAAAGGCTTTGTATGTCAGGCTGAAACATCTCATTGGCAATGGCAATT
 ACCATTCTAACCTCCGGATACATCTCAGGGTCAAGGCTGAGAACAAATCCTCCACAGTAGGATT
 TCTGCAATAAGAGTTGTACAGCTAATCCAATGTCACATGGTTTTCTCTGCTCTAATGA
 CTCGGTTCTCTCTCCTCACCACCTGAAAGGAAAAAGTGAAGGGTTGAGATG
 GAATCAATGTAGGATTGCACTAGAGGGAAAAAAATGCAAAAGCTCAATTGATCAAGTATTAT
 TGTAATCATTGTACCTTATTTAGGTGGACTTGTGATGAAAGCAACTTTGTTTCAGACTTTA
 GTGGGAGGGTTGAGGAGGAGCTGAAAGGGTGTATTAGTAGTAGTAGTAGGGAGTTGTG
 GGACCTGTTGAGTTGTGTCAAATTGAAAGAAAAAAACAGTATTGTAATTGTCAACCCCTGTAT
 TATTATTATTTGTATGACTTGGAGTAGTATAATTAAATTATCAAATAATTAGTTGATC
 TAGT

SEQ ID NO: 330, A. thaliana bHLH066-11-AT2G24260

TCTTCCCAAAAAAAAGTGTAGAAGCAGAAGAAACCCATCATCATCATGATGAACTCTCTCTA
 ACTCCTCTCTTCATCTCTTCCCCTATCCAAACTCCCATACAAACTTTCGACCCACGAAGACTTC
 CTCGATCAAATCTTCTCCTGGGGCGTGGCCCTCGTGTGATGCTCATCCTCTTCCCTCC
 GATGGCTTCCACGGCACGATGTCAGTCAAGGAATCAGCGATCATGATGATGCCCTTGAATGAT
 GGCTCTCCGTCCACGCTTTATAATGGCTTCTCGTGCAGGATCTCTCTAATTTCAACATC
 CCTCAGGGATCGGGAGGAGGATTGATGAAACCAAGAACGAAACGAAACGAAACCTCAG
 GCGAGCGCTACAGCTACTGGTGGTACGGTGGCCCGTCCGCCGAGAGTAGGACTAAATCCGA
 GCTAGGAGAGGTCAAGCAACTGATCCTCATAGTATGCCGAAAGGTTACGAAGAGAGAGAACATTGCG
 GAAAGAATGAAAGCTCTCAAGAACATCGTCCAAACGGCAATAAGACAGACAAGGCATGATGTC
 GATGAGATCATAGATTATGTCAGTTTACAATCCAAGGTAAGGTACTGAGCATGAGCAGATTG
 GGAGGTGCTGCTTCCGTTCTCTCAAATCTCGAGGCTGGTGGATCCCACGGAAACGCACTCTCC
 GCCATGGTCGGCGGTAGCCAGACGGCCGAAACTCCAACGACAGCGTACAATGACGGAACATCAA
 GTGGCCAAACTAATGGAAGAAGACATGGCTCGCCATGCAATATCTCAAGGGAAAGGTCTTGT
 CTCATGCCAATCTTCTAGCCACGCCATCTCAACCGCACGTCTACCCGTAACCCCTTGATC
 CCTGGAGCTGTTGCCAGCTGGAGGTCTCCCCCTCCCAATCTCTGGCATGACCATACAGTC
 ACGAGTACAAAATGGTAGCGGAATGGGAAATTAAACGGTAACGGCGTGAACGGAGAGGTCT
 TCTATGCCGTTAAAGAGGCCGTATCCGTTGAAAGCGTGATAACGGCGTTACTTTGGGTT
 AGGCAGAGAGATACAAAAAAGAGAAAGTGGGGTGAAGTGGGAGATAAAAGTCAAAGTCTACGA
 AGAATGAGGTTGAGGTTGTTGATGTTCTGTAACGAGCCATATTTCTGAGAGTTGGTT
 CTTTACCTACGCACACAAACCATCAAGGGACATTCTTTCTTTAAATATATGGTGC
 AATATGTTTATTTTATTAATAAAAGTGGTATGTTGATCTGAAATTAGGCTAGAAAAAGAAA
 AAAATAGTATATTGGTTTTC

SEQ ID NO: 331, A. thaliana bHLH069-11-AT4G30980

AACATTCACTTTCATTCTCACTCCCCACCAAAAAAAAAACAGAACGCCATGAACTCCTCGTCT
 CTTCTAATCCTTCATCATCTCTCTCCACATCTCAATCTCTGCAACATTGACCAACGATGAT
 TTCCCTCACCACTCTCTCCACTCCTGGCCCTCATCGTCTCGACGACACTCCTCCACCA

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

ACTTCCGATTGTGCCCGTCACTGGATTCACCACAGACGCCGATTCAAGAAACCAGATCACT
 ATGATTCTTGTCACTAACCATCCTAATGACGCTCTTCATGGCTCTCCACCGGATCTCTC
 CCTTCCACCTCCCAAGGATCGGGAGGTCAAACGCAAACGCAGTCGCAGGCACGGCGTCAGCC
 ACCACCGGGTGTGCAACGGCAGACCTCAGACAAAGCCTAAAGTCCGAGCTAGGGAGAGGTCAAGCC
 ACTGATCCTCACAGTATGCCAACGGTTACGGAGAGAGGGATAGCGGAAAGAATGAAATCTCTT
 CAAGAACTTGTCCCCTAATGGTAACAAGACAGACAAAGCATCAATGCTCAGTGAGATTATCGATTAT
 GTCAAGTTCTACAGCTCAAGTCAAGGTACTAAGCATGAGTAGACTGGCGGTGCTGCTCTGCT
 TCTCTCAAATCTGAGGATGCCGGTGGATCCCAGAAAACACCTCCCTCCCGGAGGGCGAAG
 ATGACGGAGCACCAAGTCAAAGCTAATGAAAGAGGACATGGGATGCCATGCAATATCTACAA
 GGCAAAGGTCTTGCCTCATGCCATCTCGTAGGCCACCCATCTCCACCGCACGTGCTCT
 CGTAGCCCTCGTTAAAGATAACCGCGTTCCCTTGCTCTTAACCTATCCACTACAATAGTTGCT
 AACGGTAATGGCTCATCGTGGTACCGTTAAAGACGCTCCCTCCGTTCCAAGCCGTGATAACGG
 CCATTTGCTCATTTCTTCCATTTCTTGGTGGGAAAGAGAGAAAAAGTTAGAAGACAAAGA
 CAAGTGGGATAGGTGTTGGTCAAAGTTAGAAGAATAAGGTGCTGTTGGATACGACACC
 GTATTTGCGTACACTTGGTTCTGCTTACCTACTACAAACCCATAAGCACACTCATGTT
 ATCATGTTTTTTTTGGTTATAAGTTATCTTAA

SEQ ID NO: 332, *A. thaliana* bHLH082-11-AT5G58010

ATGGAAAATGGAATGGAGAAGGAAAAGGAGAACATCAAACAAACAAATGACTTCTCCTTGAT
 TCCATGTCATGCTCTCTCTCCCTCTTGGGATCCATCTCTCTCTCTCTCTCTCG
 CCACAATCTCTTCCACGCTCTAGCGTCGACGCCCTCCCGACAGTTCCATCATCTCAG
 GAGTCAGGAGGCTCAAACATGGTAGCCAAGAAGGGTTACAGCCACAAGGTACAGTGTGACAC
 AGCGCACCTGTTGTCGTTCAAAGGCAAGAGTTGAGGCCAGGGAGAGGCCACCGATCCTCAC
 AGTATCGCTGAGAGGTTAGAAGGGAACGACATCGCAGAGCTGATGAAGTCTCTCCAAGAACTGGTT
 CCCAACACCAACAAGACGGATAAGGCATCAATGTTGGACGAGATCATCGAGTATGTTAGGTT
 CAGCTTCAAGTCAAAGTACTAACGCATGAGCAGATTGGGAGGTGCGAGGATCAGTTGGTCCACGCC
 AATGGTCTCTCCGAGAGGAGGGCTCAATGCCCTACTGCACCGTCAATGGCTTAAAT
 GGGAAATGGAAACGCTACAGGATCGTCAAATGAGGCTAACGGCTAACAGAACAAAGTGGGAAA
 CTGATGGAGGAAGACATGGGATCAGCAATGCAATACCTCAAGGGAAAGGGGCTTGCTTAATGCCA
 ATATCTCTCGAACCCGATATCATCATCAACTACTCACTCTCGTGGATCCCTTTAACCCATC
 TCCAGTGTGTTAGCAGCAGAGGATTCAAATGTAACAGCACTGCACTGCTGACCTGAAGCCTCG
 TCTACTATGGATGATGTTCTGCTTCAAGGCTAACGGCTAACAGAACAAAGTGGGAAA
 CAGTTAAAGTCAAACGCTAACCTCCCTATCTTACTATTTCTGCTAACGCAACAATAATATA
 AAACAGTTGCAACAAAGAACAAACCGAC

SEQ ID NO: 333, *A. vulgaris* TC15501

CACTTCAAAACTCTCTCTCTTCTTCTTCCGAAACTCAAATTCGGTTATGGGTATC
 GGATCTGAACTTGTGTTGCCGACAACCTCGTTTCGATTTCTCTCATAAACCCAAAACAAAAC
 CCTTTGCTATTTCTATGTTAATGTTCTCAAAACCTAACACTCAATCAAACACGCATACAC
 TCTTACTCTCTCTTCTCACAAACATGGCTAACATAATAATCTACAGAAGGATTAACAGATGAT
 TTCTCTGATCAGATCTTATGTTGCTCACGAAGGTAATTGGGGAAATGATGTTAATTG
 GCGGGAAACAACTACACCTGGGGTTGATGGCTCGAGTTGAGTCTCTGGAGGTGATATTACC
 GGTAGTGGTGGGTATCATCATCATCAGCATCACATCATCAGTTAAGTGGTGGTGGT
 GGTTTCCGTTAGGGTTAAGTTAGAACAAAGTGGTAAAGGTGGTTTTAAACCGATGAAAGCT
 TCTGGAAGTGGTAAGCGGTTCTGTCGACATTGTTGATTTGAAAGCTGTTCTTCACTAACAC
 GATAACACGATAGAGGAGACTCTGTACATTGAAATAATTGTTCCAGCATGGACATGTGCAA
 CAACAGCAACAGGCTCACTCTGTTGACCTCCTCACATCAAACATCAAACCCAGCTTCC
 GGGCATCCAACACCTGGGCTGTTGCTGTTGACCATCCACCTGCCATTGGCCTAGAGTGC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

GCAAGAAGGGGCAAGCCACTGATCCTCACAGTATTGAGAGAGGTTACGTAGAGAAAGAATAGCT
 GAAAAGAATGAAGGCACACTACAGGAACCTGGTTCTAGTTCAACAAGACTGATAGGGCAGCTATGCTT
 GATGAAATTGTTGATTATGTTAAATTCTAAGGCTCCAGGTCAAGGTTTGAGCATGAGCAGACTG
 GGAGGAGCTGGTGCAGTAGCAGCAGCTGGCTGACATTCACCTTCATCAGCTGAGGGCGGAGCC
 AGTGAAGGTGGCAGTAATCAGCCAGCATGGGAGAAATGGCTACAGATGGCACAGAACATCAAGTA
 GCAAAGCTCATGAAAGAGATGTTGGAGCTGCATGCAATTCTCCAATCTAAAGCACTTGCATC
 ATGCCCAATTCACTTGCCTCTGCATAATACACGACCAACCACCCGATGCTCACAATGATCAA
 CCCGAACCTTAATGCACCTTCATAAAATGAAAAGGATACATGCAATTGGACGTGCCCATGAACAACT
 CCAAACCTACAACATATCCCACCTCCATTGTTCCCCCACGTCAGACTTAGTCACCTCCCCTAG
 CATTGCAATCAAAGTCAGATGCCATATTATCGTTCTGCCATTCTATTTTCTGCAAATAGGTTG
 TAATGTGATGCCTAGAAAATAATCATAGGTAACCTCTGATGTTGGGGATAGTGGTGGATAGCC
 AGAACACTTCCGGTGGGACCCCTCTTTGGATAGTGGAGGGTGGGCATTTAAAGGGGAAAG
 ATGGGTACATAGACATGATTAATGTTAGAAGGAAACTGAAAAGGAAATTGAAATGGATATTGGA
 TAGTTGTTGGTCGTTAAAAAGTTGTTGGAGGTGCACACTCGGTTTGAGTGGTTGTGT
 TTTTGTAAAGTGTGTTGATTATTTCTCAAGTATCTGAGTCAT

SEQ ID NO: 334, A. vulgaris TC19278

TCAACTGCTGTTGGCAGTTGAAATGGGCTGTGAAGCTCGTGTGAGAGAGCTCGCAGGGTCAAGCAA
 CGGATCCACACAGTATTGCTGAAAGGCTCGAAGAGAGAAAATAGCAGAGAGGATGAAGAACATC
 AAAAGACTTGTCCAAACTCTAATAAGACGGATAAAAGCATCTATGCTGATGAAATCATTGAGTATG
 TCAGGTTTCTCAGCTCAAGTCAGGTTCTAAGCATGAGCAGGCTGGGGCAACAGGGCAGTTG
 TTCCCTCATTACAGAAAATCAGCTGAGGGATCTACTAGTCATTTCGTGCGAGTCAGCTGGTC
 GAGATGTTAAACATATTGAATCTCTAACACCCCTACATTGAGCAAGAAGTAGTGAAGCTGATGG
 AATCCAACATGACCAAAGCTATGCAATTCTGAGAGAAAAGGCCTCTGCTTAATGCCATTGCC
 TTGAGCTGCCATTCCGGTAGTAAAGCACCACCCGCCCTCTCTTCTACTGAGGGAAAGAAGTCTA
 TTTTGACCAATGGCTTGTTCATCATAACAGTGGCAATCTAACATGGGCAAGGTAGATATCAT
 CTGATGGAGAGACTAGATCAGAGAAAACATAATTGGGTCACAGCAGAGAAGACTTTCAAGCA
 ACAGCTGCAGTGGGACAGCATTTAAAAGGGAAACAAACACCACACAAACTTCACAGAGAAATGA
 ATCAAGAGTAGACATAGTTGCGGTCTCATCTTGCGCTTCATACCTGGCTCCAATTCTCA
 AGTTTCAGTAACCTAGCAAGTAGATAAGTAGCAGAGTCAGACTGGACTTTTGTCTCGC
 TTCAAAGATGAGAATGTGGTATAGATTCTAATTACGTTATAGGTTCTATTGTACATGCACACA
 TATATGC

SEQ ID NO: 335, B. napus TC10015 part

CCCACCGTCCGAAACACCTCCGATGACTCTTCGAGCCTAACATCTCGGTCTCCCCAACTTCTCAG
 CCTCTTCATCCGACGGGGTTAGGCGGAGGAGGAGCACCAGCGATGATGCTGAGCTGGGTCTCG
 GCGAGGAAGGGAGGTACATGGGTGGGCTAGGAGGAGGAAGTGGTTCAACAACCAAGATGTTCTC
 TAGGTTGAGCTTGAAACAAGGCAAAAGGACAAGGCTTCTAGACCCGAAGGTGGTAGTCTGGAA
 CTGGGAAACGTTCTGTGATGACCTCATGAAACCCGGTTTCATGGCAGCCAATGCAACAAACAGC
 CAGCTCCAGCGCGCCGCATCAGCTACATCGATCCGCTCCAGGGTTGAGCTAGGCAGGTGGCAGG
 CTACTGACCCACATAGCATAGCTGAAAGGCTCGTAGGGAAAGAATAGCGGAGGGATCAGGGCGT
 TGCAAGAGCTGTACCTACTGTTAACAGACAGATAGAGCTGCTATGATTGAGATTGGGATT
 ATGTAAGTTCTCAGGCTCCAAGTTAAGGTTTGAGCATGAGTCGTTGGTGGAGCCGGTGCAG
 GTGCTCCACTGTTACTGATATGCCCTTGTCACTCATCAGTTGAGGATGAATCTGGTGAAGGTGGAA
 GGGCACCAACCTCGGTGGAGAAATGGCTAACGATGGCACTGAACGCCAAGTCGCTAAACTGA
 TGGAAGAAAACGTTGGAGCAGCGATGCAGCTCTTCTATCAAGGCCCTTGTATGATGCCAATCT
 CATTGGCTATGGCTATTACCATTCTCAGCCCTCCAGATAACACTTC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 336, C. clementina DY268946

CAACCGTGTACACCGACCCATCTGCTGCTTCAAACTCCGCTGATGACATAACCATGTTCTA
 CAGCTGGCTCGCGGCCCTCTCCTGGTCCGGAGGAGGCACCAGTGTGCTGACATAAGA
 AGTTGGCTATGGGAATCAGCATGGGAATGATGCTCTAGGGTAATTGGAGCATAGCTCTTA
 AGGCAGCATGAAGATCATAATAGTAACCATAACAACAACAACACTAATGCTCTCTTCTTCT
 CCTAATAATTCTCTGCCACTCTGGAATCAACGAGAGAGATTCCGTCACATGCCAAGTTGTT
 CCAGCGTTGGACAGTTGCAAAGTCAATCAGCCCCGGCCGCTGCCACGCTCTCAAGTACAG
 CAGTTTCAAGGCCAACAGCAGCCGACCGCAGCCTCAGCTGTCAGTCCAGGGTGCAGCAAGA
 CGAGGGCAAGCCACGGATCCTCACAGCATTGCCAGCGTTGCGTAGGGAAAGAATTGCGGATAGA
 ATGAGGGCTCTGCAAGAGCTGGTCTAGCTGCAACAAGACGGATAGGGCAGCCATGCTTGATGAA
 ATCGTGGATTACGTGAAGTTCTAAGGCTCAGGTCAAGGTTGAGCATGAGTAGACTGGGTGCA
 GCTGGTGGCTGGCTCAGCTGTAGCTGATGTTCTCTGTCATCAGCTTGTAGGGAGAGACATT
 GATGGTGGAAAGCAGTCAGCCAAGATGGAGAAATGGTCAAATGACGAACTGAACAACAAGTAGCC
 AAGCTAATGGAAGAAGACATTGGAGCTGCTATGCAAGTCCCTCAATCCAAAGGCACATTGCA
 CCCATATCACTGCCAGTCAATCTATCGCACCCGTCAACGGATGCCAGCATTGTCAGC
 GAATCGAGCACCCCTCATATTGTCTAAACAACATTGGAGTCAGCAGTTGGTCACAATGACTCA
 AAATATTTAATCACGGGTACCTATTCTATAGAATACTTTGGTCTCTTATCCAACCAAATAATT
 CAAATTCCAATGCAACGTTCCATTCTCTTCCCTAATTAAACCTAGGGCAAAAAAGGGAAATGA
 AAAGAAGGCAATGGGCAATGGCAAGGGGGAAAAGGGGAAATTTTTCCAAAGTTTTTTTTTA
 TAAAAACTCCCCTTCAAAAAAAATTATAAAGGGGGGGGGGGGGTTTTAGGGGGGGGGAAAA
 AACCCCCAAAAAGGGTTTCGGGGGGTGTTTATATG

SEQ ID NO: 337, C. longa TA2544

GCACCCGTTGAGACCTAACCTCCCCGGAAACTGGCGCTGTGCCTATGCAACCGAGCAGCAAAG
 AGACGGAAAGGATGGCGAGTCCCACGCCGCCCTCAGCTGGAGCTCCAGAACGGCGGGAGGCG
 CCCAGAACGACGATTCTCGAGCAGCAGATGTCCGGCTTCTCACCGCCGCTGGCACCGGAGT
 TGGGGACCCCAGGTCGTTTCGGGGCGGGTCTCGAGGAGTCGCCGACGACGAGGGATTGA
 ACTACGCCAACCGTACGGTGGTCGTCTCTCGCCCTCGCCGACCCGGATGCAACCTCGGCACCT
 CGCCGGGGGATTCTCGATGTTCTCAGCTCGGGGGAGATTCTGTATACCTACGGCCGGCG
 CCTCGGGGGCAGTCCGGGGCTTCTCCGGTTGCCCTCTCCCTCGTAGCGGAGGCTCTGGGG
 TCTCGACTTCTGCCATCTCGGGCACAGATCCGAGGAAATGACCCGCCGTTGCAATGCTCA
 ATCCCACCGAGGCTGAGGTGTTGATAACGACGGATTCACGGATCGCTTCCACGGGGCTGCAAG
 CGTCCCTCATCAGCAACTCTCCGACAACCCAGAACTACGGAGCTGCTACGCTGACCGGACAGG
 CTCTGGATAACAGAACGGCTCAGGTACCGCCGGCGCAGGTACTGCGCACCCAGCCGAGGG
 TGAGGGCAGAAGAGGTCAAGCGACCGATCCCCATAGCATTGCCGAAAGACTTGGAGGGAGAGAA
 TCGCAGAGCGTATGAAAGCTCTGCAGGAATTGGTGCCCAACGCTAACAGACGGACAAGGCCTGCA
 TGCTGGACGAGATCATCGACTACCTAAATTCTCAGCTCAAGTCAGGTCTTGAGCATGAGCA
 GATTGGGGCGAGCAGCCGCCGTCGGCGCTCGTGCAGATGTCTTCAGAGAGCGGGCGGGAG
 CGGGAACGCCGAGGAGTAATAACGATGGCCTGACGGCGGGAGCAGCAGGTGGCGAAGTTGCTGG
 AGGAGGACATGGGTTCAAGCGATGCACTGCAAGGGAAAAGGCCTGCTGCCATGCCATCTCCC
 TCGCCTCCGCCATCTCTCCGCCACCTGCCGCTCTGCCCTCCCCCGGTGCAACCTCGCTTACCC
 CGGCAGCCGGCGACGCCCTCCGTCGCCAGCATATGCCGCTGACAGTCAATGCTGCCAACGCCG
 GCAGCGCCGGCGCCGACGCCAGCTAGGATGGAGCTGTTGTTAAGATGCTGTCAAAAGTGCTT
 GGAATTGGAATTCAATCCTTAGT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 338, C. paradisi hybrid TA3392

CGACTTTGCCGAGTCAAACTCATGGCGAACACACCCGAACGAAGCCTCCCTCGACTGACGATTCCCTC
 GAGCAAATCCTCGGAATTCTAATTTCGGTCTCGGGCTGGCGCTAGCGATGGCGC
 TTGGCTGCAGGCTCGCCGATGATGCTGCAGCTGAGCTCCGGCAGCGCTCACCCACATCTGGCT
 CTCGGAGGGGGAGTAAGTAGTGGGTATCATGGGCAGGTGTTCCGTAGGCTTGAGCTTGGAGCAA
 GGTAAGGAGGATTTGAAGCCCAGGAAGCCTCTGGAAAGCGGAAAGCGGTTCTGAAGAACAT
 GCTATAAAAATGTTTCACTGCCAACACTGCCCTCACCTGTTCTGCAGCTCCACATCCACCA
 GCAATGCCCCCAGGGTGCAGCTAGAAGAGGACAGGCCACTGATCCACACAGCATTGCTAACGT
 CTACGAAGAGAAAGAATAGCAGAAAGAATTAGGGCACTGCAGGAGCTGGTCCCTAGTGTCAACAAG
 ACTGATCGAGCAGCCATGCTGATGAAATTGTGGATTATGTGAAGTGGGAGGCTTCAAGTGAAG
 GTTTGAGTATGAGTAGTGGCGCTCTGGCGCTGTGGCTTCAACTGGTAACAACCAGCACCTCCA
 CTATCATCAGTCGAGGATGAACTCTGGTAAGGGGTAAGAACCAACCAGCCGGAGAAATGGTCA
 AATGATGGCACAGAGCAGGGTAGCTAAGCTCATGGAAGAAAATGTTGGGCTGCCATGCAAGTTC
 CTTCAATCAAAGGCTTTGCATAATGCCGATCTCACTGGCACGCCAATTACCAATTGCAGCCA
 CGGAATGAAGAGGAGGATGGATAATGGTGGTTGAAAATGTTAGTGTGTTCCCAGTCCA
 ACATAAAATGATAGTGTGCTTGTGAGGAGGCGTGGCTTGTGTTCAAAAAGTAATTGACT
 TCTTCTCATTTCTCTGAGTCATTCAATTGGAGGGCAGGGGCTGCTGACGATGGCTGATG
 GCTGATGGCATTGGTATTGGTGGACTGCGTTGGTATAAATTACTACGTATTGAACTTAACCTG
 ATTTCAATTCTAAAGTCATTACTGCCGTACAAAATTGAAAATCTATTACTGAATTAGTTGA
 TAATAACCAACTTAGCGTGTCCCTTCGGGATCATCCATCCAACTC

SEQ ID NO: 339, C. sinesis TA12416

GGGGAAACACCAAATTCTCTCTCCCTCTCTCCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCACC
 TATTAGTATTAACATCCATCAGAAGAAATGGTTCCATTCTCTGAAGAAAATCTTGACTCTTCA
 AACTAAATTCCATATCGAAAGACTTATTCTCAAGAAATTAAAGATGCAGCCCTGCAGCAGCGC
 GGAGAAATGCAAGGAATCAGCTCGCTCTTGAGCAACGGAAGGCCACGAGCAGCAGTCAGATCCAT
 CAAAGCGCAGCTTGATCCAACCTCGCAAGACGACTCTTAGAGCAAAATGCTATCCCTCTCCCA
 TCCTGTTCTGGACTGACTTGAAGTCTCCCTGGGGGTTGTGACCTTAACCTAATAACAATAAT
 AATAATTTAACAAACAGCAGCCCAGAGACTTATCCGACGAAACGGCGCGTCCACTACTCAAGAG
 ATAATGCCCCCTGCAGGGTTTCAGTCGACGGAGTCCATGATTAGCTTCAAGATGAGACAGCAT
 CAGATCAGCGGGAAATCTGGAGTGGAAATAATAATTCTGCTGCAGCAAAGTTATGATGCAGCAG
 CAGCAGCAACAAATCATGATGGCTGCTGCTAGAGGTGGCATCGGGTTGCTTATCACTTGGAAAT
 GGTGGCGATAACGACATGTTGATGTCTCGTCATTCAAGTCCCAACAGGGAGGAGATGGCTCAGTG
 CAAGCACTCTACAATGGCTCACTGGATCTTGCATGGCTCAACCCAGCCTCAACATTTCATCAT
 CTTCAAGGAGGATCGATGCCGGCAGACCTTGGGACCAGGGCCGTTATGAACCAGACGCAG
 GCTCAGGCAAGTGGGCAACCGGGGGTGGTGGTGGTGGAAACACACCCGCTCAGCAGCTAAA
 CAAAGGGTTAGGGCTAGGAGAGGTCAGACTGACCCCTCACAGCAGTGAAGATTGCGCAGA
 GAGAGAATTGCAAGAGAGAATGAAAGCTTCAAGAACTTGTACCTAATGCCAACAGACAGATAAG
 GCTTCGATGCTGGATGAGATCATGACTATGCTCAAATTCTCCAGCTGCAAGTGAAGGTCTGAGC
 ATGAGTAGATGGGCGGTGCTGCTGCTGCACCCCTTGTGATGATATGCTCAGAGGGAGGA
 GGAGGTGATTGATCCAAGCAAACGGCGGAACCTTAACGGAGCTCAGACGACGTCAGCTAACGAC
 AGCTTAACTGTGACGGAACACCAAGTGGCTAAGCTGATGGAAGAAGATATGGGGTCAGCCATGAG
 TACTTACAAGGCAAAGGGCTTGTCTAATGCCATCTCACTGCAACTGCTATATGACTGCCACG
 TGCACTCTAGGAACCCATCATCAGCACCAGCAACAAACAATAACAAACGGCAATCCCCAC
 AATCCTTCTCTCAGTCCAATGGTGGGGCCGACCTCACCTAGCATGTCAGTGTGACTGTCCAG
 TCAGCAACTATGGTAACGGTGGGCTGACGGCTCCGTCAAAGATGCTGCTTCCGTTCCAAGCCT
 TGATCAACGGCGTCGACCGACTTATGATGCGGCTCGTCAAAGTCTACGAAAATAAGGCGTCACT
 AGATGTTGGACCTTCAGCACGTCGTTAGACTTGTGACTGAATCTAACAAACAACAAAA

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

AAGCAAGAAAGAAGCCAATCCAAGAACAAAAACCTTATTTATGTTATTATTATTATTTAATTC
GCGGGTTAGGTTTGTAAATTACTATTATAATTTCAGATGGGATATCTCCCTC
TTTTCTTTATTAATATTCTGTATGATTCTCTATTAAATAATTATTTACAAAAGCCTTAA
TC

SEQ ID NO: 340, *E. grandis* WO2005001050 seqID77
 AGCACCTTCACCTTACAGAGGCCAAGCAAAACCCCTGAACACTCAAAGAAAAGAGGTTTT
 CAGACACCCCTCGCCCTCTCTCTCTCTCTGAGCTGAGAGACAATACCAGCTATAAAAC
 CCGAGACCCATAAAACCTCCCATCGAATTCCGAATCACGTTACCGGGTCATCGGGTTCCGATC
 TGCCACCCAGTTCACCAACACCACCCACCTCCCTCCCTAAACATCTCTCCACCAATAATT
 TGAGCACATCTCACCTCCACTTCTCCCCTCCCTAAACATCTCTCCACCAATAATT
 CACATGGCAACCAATTCTTATTCATCATCCCCCTCCGAGTCCACCAACCTTAGGCTCTCT
 CTCTCTCTCTCTGCAACTCTCCACCTCCATCGAATTCTTCTGAGACACTTTGCTGGGTTCGCA
 TAGAGCAGAAAACCCATCGTAGACTTGTACCTCCAGTGCACACTTCTATAGAGAAAGGGAGATAGA
 GTGGAGAGAGAGAGAGAGTTATAATCATCGGCTTATGGCAGGCTCAAATCCGAGGAAGGACT
 GGGGGATGAGTTCTTGAGCAGATCTTGGCGTGGCCGGAGCTTACTCCGGTGGCTCCACGCC
 CATGGTCTGCAACTCGGCTCCGGCCGGCGTGGAAAGATGGCCGGCAGAGGAGGGCCGG
 GGGGCTAGGGGATGGGGATGATGGGGCTGGGGCTGAATTGGAGCAAGGGGATTGTTAG
 GCACGAGGATGTTGAGAACAGTACTAGTGCATCTCCACCACTCTGCCATCAATATGGAGAGAGA
 AGCAGGAGTCCACCACGGCAACACATGACAAGCTGCTTGTCCAGCATTGGACAGTCCAGAC
 TCATCAGTCAGTCCAGCCACCTCTCCCATCCACCCCTCCTCAACTTCACCCGGCTTCTGAA
 TCAGCCCGCAGTGGAATCGCCGAACAGCCGGCATACGCCAAGGGCACGAGCTAGACGAGGGCA
 AGCCACGGGATCCTCACAGCATCGTGAGCGGGTGGCCGAGAAAAGAATTATGAAAGAATGAGGC
 GTTGAGGAGTTGGGCTTCCAGTTGCAACAGGGATAGAGCAGGCTTGTATGAAATCGTGG
 TTACGTGAAGTTCTTGAGACTTCAAGTCAGGTCTTAAGCATGAGTAGATTGGGGAGCTGGTGC
 TGTGGCTCAACTTGTAGCTGATGTACCCCTCTCATCAGCTGAGGGGAGATCATCGAAGGC
 CAATCAACCGCGTGGGAGAAGTGGTTGACAGACGGCACAGAGCAGCAAGTGGCTAAGCTGATGGA
 AGAAGATGTTGGGCTGAATGCAGTCCCTCAGTCAAGACGCTCTGCATCATGCCATTGCT
 CGCCTCCGCAATCTCCGACAAGCCAACAGACATGCCCGTCCATCAAGCCGAATCCAGCG
 CCCTCTGAGCACCCCTGAACAAGTCTGCGACATCATAGTTGCAACAATGCCATTGCT
 AGGTCTGACCGGGTGTGAGGTTGTCCCTAAGTCGACGTAACTCTTGTCAACAGTTGCTTAGTG
 CCCTCTGTTCATAGTTCACTGTCGCTGTCTAGTGGGTGTGAACTTGTGGTTCTCATGCC
 TTACAACCTAAAAAAATGCATCAGTTCATGTTTCAATTATCCAAAGGAAAAGTCAAAGCA
 ACTTATTCCAATTCAAGTTTACCTATTTCTGATGAAAAAA

SEQ ID NO: 341, *E. grandis* WO2005001050 seqID1671
 CCTCCTCGCGTCCCTCTCGGTTCCGCCAGCTAACCGAAATTCCGGCCACCCCGCCGGAGCTCCGC
 CGTAAACCCCTCTCTCCGTCTCCGCCCTCCGCCCTCCGCTCCGTCTCCGCCCGTC
 GCGACCGTAGATAGATGCCCTTCCGCCGCTCATGGCAACAAACCCAGTGCAGGGCGCCAGCGAC
 GAGTTCTGGAGCACCTCTCGGCCCTCCCAACTTCGTCGCGCCGGAGGGCCCTCGCCCCG
 GGCGACGGGACCGGCCGTCCGTACCGGCCACGGCACCGGCCATGCCAAGGGCACTTGTG
 GGCTCCGGCGGCCACGGCACGGCACGGCCATGCCAAGGGCACTTGTG
 GGGGGGGAGCGGG
 CCGCTGGGGCTGAGCTGGAGCAGGGAGGGTTCTGAGGCTCGACGCGAGCTGACTG
 GGCAAGCGGTACCCCGAGGGAGGTGTCGACGCGAGCTGACTG
 TTGCCCACCTCCCAGATGTTGCAATGGCTCTTTAGGAACCGAGATGTGTTCATGGACAA
 CCAGTGCCAACCCCTGTTCTGCAAGCACACATCCACCGCAATGCCCGAGAGTAAGGGCTAGA
 CGAGGACAAGCTACAGATCCCCACAGCATCGCTGAACGATTGCGGAGAGAGAATAGCAGAAAGG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

ATTCGACAATTGCAAGATCTGGTTCCAAGTGTAAACAAGACAGATAAGAGCTGCCATGCTTGATGAA
 ATTGTGGACTATGTGAAGTCTGAGGCTCCAAGTAAAGGTTTAAGCATGAGCAGATTGGCGCA
 GCTGGTGCAGTGGCCCCACTTGTGACCGACATCCCACTATCATCAGTCAGGAAGAAGGCGGTGAA
 GGTGGAAGAAACCAGCCAGCGTGGGAAAAGTGGTGAATGACGGCACGGAGCGCAAGTTGCTAAG
 CTCATGGAGGAGAAATGTTGGCGCGCAATGCAGTCTCTCAATCCAAGGCTCTGCATCATGCCA
 ATCTCTCTAGCCACCGCGATCTACCAAACCTAACCGCCGACACCTCTCCCTGTCAAGTCTGAA
 AGCAACATCCCACCTAGGCAACAGGCACCTCCCTTCCAGGTCCCACAAAGG
 CTCAAGACTAAATGCTCCTGGTCCCGCTTAGTTGTCCCCTGTTCTACACCTTCAAAACAG
 TTGATGGCCCTTCTCCTCTCAAAATTGCAATCAAAGTCAGATGCCATAGCCCTTGCTTCTGC
 CCTCTCTTAAGCTTTGCCCCGACAGGTTCAATGTCATGCCATAAAAATACTAGCAGGCCCT
 TCATGTCCTGCCAAGTTCAACTAAAGGAGAGATAATTCAACCCCTCACTTGATATGCTCTCTC
 TCT
 GCTTAGTGGAGAATGATGTGAGCGACTTATAGGGGGGGGGCTTGTGTTTCTTGGTAGTGGG
 TCGTGGGACCTTGTAAAAGGATTGGTTGTAAAGTACCAATTGTATAATGTAATGCGTAATGTG
 TTCGATGAGGGGGATGGATTGCTTGGTAGAAAATTGAGAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 342, *G. hirsutum* CO123623

CGATAGTGGTGGTGGTGGTTAGAGGAATAGGCATGATGCCCTTAGGGTTGAATTGGAACATGG
 ATTCTTAAGACATGAAGATGGAGTTGAGTTGACAAACAACAATGCTCTTGTCAGCTGC
 TTCTGCTTTCTGGATCAGTGAGAGAGATCTATGCAATGGTAAGCTTGTCCACCTTTGG
 ACAAAATGCAAACACTCAGCAAATCCCGCCTCACCGCCACCTCCTCAGCCTCCACCGCAGCTCCACCA
 GCCATTTCACAGGCCAACATCAGGTCAGTTGCTGACCCACCTGCCGTCCCGTCC
 AAGGGTACGGGCTAGGGAGGGACAGGCAACGGGATCCCCACAGTATTGCTGAGCGGTTGCGTAGAGA
 AAGAATAGCTGAAAGAATGAAAGGTTGCAAGAGTTGTTCTAGCTCAATAAGACGGATAGGGC
 CGCTATGCTTGTGAAATTGGATTATGTAAGTTCTAGACTCAAGTTAAGGTTCTGAGCAT
 GAGCAGACTCGGTGCAGCAGGTGCGGTGGCTCAGCTTGTGCGATGTACCCCTACTATCCGTTGA
 GGGTATGGTGCAGGGTGGAACCCAGCCTCTGGAGAAATGGTCAAACGATGGCACTGAACA
 GCAAGTCGCTAACGCTGATGGAAGAAGACATCGGAGCTGCCATGCAGTTCTCAGTCCCAGGCACT
 TTGCACTGCGCATATCACTGGCATCTGCATCTCCCTGCACATCAACCTGATGCACCAACAAT
 CGTC

SEQ ID NO: 343, *G. hirsutum* DT543504

ATGATAAGCAATGGAGGTGAATCTCTGAGTTCGGAGATCATTACAGGCTGGAAACTCTTCT
 CCAATTCCACAAATTGGCATCTACAACCTTATGACTCTGTTCTCCCTCCACTTTGGTGGGA
 CAAACCATAGTAGATGAGGCAATTAACAGATTATTGAGATTGATGAAATTCTGCAACCT
 GAGAACTTATCTGCTTCCATCAATTCAAAGGGACAACAGGACATGCAAAATTCTTTGCTCTTCT
 TTTCCGCTGACCACCCATAACAAAGACCATGATTGGTTGCCATCTGGTGCAAGGGTGCATCG
 CCTAACCTGAAACATGGTCCGACCGAAGTGTGAAGCCTCGAGTAAGGGCACGTCGAGGTCAAGGCT
 ACTGATCCACACAGCATTGCAAGAGAGGCTCGAAGAGAGAAAGATTGCTGAAAGAATGAAAACCTG
 CAAGAACTTGTACCTAATTCAAATAAGACAGACAAGCCTCTATAACTTGATGAAATCATAGGGTAT
 GTCAAGTTCTTCAACTCCAAGTCAGGTACTAACGATGAGCAGGCTGGGGCAGCAGCTGCAGTT
 GTTCCTCTCATCACTGATGGTCAGCTGAGGTATCTAATGGTTTATCACTGCACTTACGGGGT
 CAAGGGGTTGATTTTACCATCTCTGATCAAGTTGTTTCGAACAAAGAAGTGGTGAAGCTCATG
 GAATCCAATATGACAATGGCCATGCAATATCTACAAAGTAAAGGTTCTGTCTTATGCCTGTTGCA
 CTTGCTGCTGCCATATCAATGTTAAGTCATCCACATCCTCATCGTCATCATCAGTTCTGTTCT
 GATGAGAGTAAGAAACTTGGGCTTCACCAACAGTACTCTAATCAACACACCTGCAGCAG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 344, G. hirsutum TC60118

AAAAACCCAAACACTCTTTCTATCCTCTGTTTCTCTCCCACTTCCGTTCTCTTCAGAA
 AAAAGGAAAGTCAGCTAACGCTAAACTCTGAACCTCCCTCTCAGTCCTCAGGGACAGAGA
 AAGATTAACGAAAGAAAAGAAAAAGACTCTTCTTTCCCTAAAAGAAAAGTTGATCTTT
 TTTGTTGGTTCGATCTCTTAGCATTCCCTTTGCATGTAGATGCTCTTGGTAGCCTAAC
 TCGCCACTCGACTCACTCAATCCATGGCTAATAACCCAACGAGTCCCCCGCTGATGATTCT
 CGAGCAAATCTCGGACTCTCCACTTGCCACTTGAGACTGGCTAGCGGGCCGACGGTAG
 ATTGCTGGAAACGCCACGACGGCTGGAGCGCCAATGCTCTGCAGCTCAGCTCCGGCGTGGCAC
 CGGACACATCGGCGCTATAGGCGGCGTGGAGGCAGTGCCTTCACGGACAGGTTTCCATTGGG
 ATTGAGCTTGGAGCAAGGAAAAGGTGGGTTTGAGGCCAGAGCTTTCTGTTAAAAGCTTCCATGGACAACCAGT
 CTTCCGCAACGAGGTGCGTGTAGGCAGAGCTTTCTGTTAAAAGCTTCCATGGACAACCAGT
 GCCAGCTACTGTCGCTGGACACATCCACCGAACATGCCAGGAGGAGCATCCGGTAGCAGCAAGCG
 ACAGGCCACAGATCCACATGCTGAGCCTGGAGGAGAATTGCCGAAAGAACATCCG
 GGCATTGAGGAACTTGTTCTAGTGTAAACAAGACTGATAGAGCAGGACATGCTGATGAAATTGT
 AGATTATGTGAAGTCCCTGAGGCTCCAAGTTAAGGTCTTGAGCATGAGTAGGTTGGCGCAGCTGG
 TGCACTGGCACCACTCGTAACGGACCTCCACTATCGTCAGTTGAGGATGAAAGTGGTAGGGAGG
 AAGAAGCCAACCAGCCTGGGAGAAATGGTCAAATGATGGCACAGAGAGACAAGTAGCTAACGTGAT
 GGAAGAAGATGTCGGAGCTGCCATGCAATTCTTCAATCAAAGGCTTTGCGTCATGCCAATTTC
 ACTGGCACCGCAATTACCATACGCAATCTCCGGATACCTCTCTGTTGTAAGCCGGAAACAAA
 TCCCTCTCATAGACACCTCACATGAGAAAAGAGGAAAAGAAAACGGTGTATCATATGGGGGG
 AGACTGTGGACAAAGACGGAAGCAGCTTTCTGTGTAGTGTAGGGCATGGATTGGGTTGGT
 GGGATGAGGGACCCGAAAAGGAGATGGATGAGATGAGTATATTACATATTAAACAATAAAAATA
 TTACAATATTGATAGTGTAGTGTAAAGTAAACAGTGTAAATTTCACAGGAAAGGGCTAAAGTAGAAAGA
 AGGGATAATGGTGGCTGATTTATAAAATGCTGATTCAATAAAATAGATGGATTGGTCACTGTT
 CAAAAAAACCT

SEQ ID NO: 345, G. hirsutum TC60119

AAAAAAAGAAGAGGAAAGCCAAAACCTCCAAACTTCTATTTGCTTTATATTATTTTTTG
 GTTCAATTCACTTCCGCTGCTATCTTTCCGGCTTCTCATGGCTAATAACCCAACGAGGCC
 TTGGACTCACTTCCGCTGCTATCTTTCCGGCTTCTCATGGCTAATAACCCAACGAGGCC
 CCAGCGGCGATGATTCCCTCGAGCAAATCTCGGCCCTCTAACTTTCGCCCCCGAACAGGGCT
 TAGCTGGATCCGACGCTGGATTGGCTGCAACCGCTGCTGGAGCTGGAGCTCAATGTTTGCAGC
 TCAGCTCCGGTGTGGCGCCGCTCATATCGGTTGAAATCGGCGGGTGGAGGCGGTGCGTTCATG
 GGCAGGTTTCCCTGGGTTGAGCTGGAGCAAGGGAAAGGCGGGTTTGAAACCCGAGGAAG
 CTTCCGGTAGTGGGAAGCGGTTTGGAACGGGTCGTTGATGACCGAGCTTCTGTAAAAATG
 TTTCCATGGCAACCCATGCAAGCAACTGTTCTGCAGCACACATCCACCGACAATGCGTCAA
 GGGTGCAGCTAGACGGAGGACAGGCCACGGATCCTCACAGCATTGCTGAAACGGTTGCGCAGGGAGA
 GAATTACTGAAAGAACATCAGGGATTGCAAGGACTTGTCTAGTGTAAACAAGACTGATAGGGAG
 TCATGCTGATGAAATTGATGTTGCAAGTTCTGAGGCTTCAGTTAAGGTTTGAGCATGA
 GTAGGTTGGCGGAGCTGGCAGTGGCACCCGCTTGTAAACAGACATTCCACTATCAGTAGAGT
 ATGAAAGCGGTGAGGGTGGAAAGAACGCCAGCCAGCATGGGAGAAGTGGTCAAATGATGGCACAGAGC
 AACAGGTAGCTAACGCTGTTGAGGAAAAGCTGGAGCTGGCATGCAATTCCCTCAAATCAAAGCTC
 TTTGCATTATGCTTATCTCACTAGCCACTGCAATTACACACAGGTACCAAGATAACCTCT
 TTGTTAAGCCAGAAACAAATCTCTGCAAGACCTGAGGGAAAAAAAGGGTAGGCATCCCACAG
 TCCATCCTCATCCGCCCTTTATTGCTTATTCTAACACACCCACTCCCTCCCTCTGGCTG
 AAAATGCCATCAAAGTCAGATGCCATAGCTTGTCTTGGCTTCCAGCTTTCGAT
 TTTCAAAACAGGGTTGATGTCATGCCATTAAAGACAGGCAATTGATGTCAGCA

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

AGTTCGAGTAAAGGGGAAGAATTGTCAAATTCACTTGATATGCTTCTTTGTATCAAATG
GGATAGTGGACAATGATGGGAGCACTTTGATGGGGCTCTGATTTGTGGTAGTGGATTGTGG
GACCTGCAAAAAAAAAAAAAAGGATAGAGATGATCCAGGGTATAATATTGTTATTGTAACAATGTA
TTTGAGATAAAATCGAACAAAGTAGAAGAATTGATATT

SEQ ID NO: 346, *G. hirsutum* TC61833

AAAAAAATCCCTTGAaaaaaaaaaaATTCCCTTTCTGTTACTTCACAGAGCTGAAAGTA
CAGAACAGAAAAGAAACCCCCAAACCTCAAAATTTCTCTCACGTTGATAGAAGGATTTAAC
TAGAACGGAAAGATATGAAATAATATCGTGTGTTGTCTATAAAATATTTGTTGGGTTTCAAT
TCTTTTTCGCCATTCTTGCATGTTGATGATCTTGGTGGCTTAACTCGGTACTTGGACTCA
CTTCGCTACTACTTCTCGGGGTTTCACATGGCTAAATAACCCCACGGAGGCTTCCGCTGATGATT
CCTCGAGCAAATCCTCGGATTTCCAACCTTCGCGCCTCTGAGACGGGTTGGCGGGACCGACGG
TGGACTGACAGGAACAACGCTGGTGGCGAACGCGGAACTGTTCTACAGCTCAGCTGGTGTGG
AGCCAGTCACTCGGGCGGAATCGGGCGGGTGGAGGGCGCGTTCGGGAGGGTTTCCGTT
GGGGTTGAGCTTAGACCAAGGGAAAAGCGGGGGTTCTGAGCAGGGAGGAAGGTTCTGGTGTAG
CAGCAGGGGTTCGCGATGAAGTCGTTGATGGCAGGGCTTCCTCAGTTAAAACGTTTCCATGG
TTCACCAATGCCGGCTACCGTTGCTCCATCACCGCATCACCACAAATGCGTCCAAGGGTGCGGGC
TAGACGAGGACAGGCCACGGACCCGATAGCATTGCTGAAACGGTTGCGGAGGGAAAGAATTGCCGA
AAGAATCCGAGCATTACAGGAACCTGTTCTAGTGTAAACAAAGACTGATAGAGCGGTATGCTTGA
TGAAATTGAGATTATGTCAGTTCTGAGGCTCCAAGGTTAGGTTGAGTATGAGTAGGTTAGG
CGGGGCGGGGGCAGTGGCACCGCTTGTACAGACATCCCATTATCATGGTGAGGACGAAAGCGG
CGACGGTGGAGGAACCAACCGGATGGGAGAAATGGTCAAACGACGGCACCGAGCGACAAGTAGC
CAAGCTCATGGAAGAAAACGTAGGAGCTGCCATGCAATTCTAAATCAAAGCTTTGCATTAT
GCCAATCTCACTAGCCACCGCCATCTACCACTCGAACCACTGGATACCTCTATGTCAGCC
CGAAACAGATCCCCACCATAACTCTAACAAACAAAAATAAGGGTATGCATCCACACAGCCCAT
CCTATATGTCACACTATGAGGAAAAAAAAGGAAGGGGGGGCTCATGTCGGATTGTCAT
GGTGTCTCTTGTAGTCATGGTGGGGTAGGGGATAATGATGGAAGAAGAGGGGCACTCTCAT
AGTGGGGCTTAAATTGTTGTT

SEQ ID NO: 347, *G. hirsutum* TC67603

CAAAAAGAAAAAAAGAGAAACCTCGTCCCTCATCTCAATCTCATTCAATCATCAAAGCAAAAAAA
AACCCCTAATTATGCAAGCTTGTAGTCGAAATGCAAGCAATGAACTCTCTTAAACCCGACCCA
ACAAATCCCTCTCCAAGACCTTCAAATCAACGGTAACAGACACCCACCATCAACAGATCCACGTCCC
ATCATCATCGCAGTCCAGTATCCCACACCCACTCAACAAACCCACCATGACGACAGCTCTTGA
ACAGATACTCTCCACCGTCTTCCGAGGGTCCGACGAAACGGGCTCTCCAACCCCGAGGA
TAACAATAACGCCGGCTCAACTACGATGAGATGGTTCTAGCTTCAAGCTCGACAGCATCAAAT
CAACGGCGGAGCTGGTAACCCCTTGCCGCTATGAAGATGATGTTGATGCAACAACAACA
ACAGCAACAGCAGATGATGTTAGCGGGAAAGACCCACGGTGCCTCCGCCGCCGGAGGGGAAT
CACCACCAATCATCAGGGTGGAGAGGGTTCCATGCAAGCTTGATAATGTTTGGGATGGATC
TTGCAATGGAACTATGCAAGGCAGAAAGCTTGTGGGGCTAATTCAAGCAACAGAGATGACCAAAG
TCAGGGAAAGGGTCCGACGGCGGAGAAGCGGTGACGGCGCCGGAAAAGCCTAAACAAAGAGTTAG
GGCAAGGAGGGTCAAGCTACTGACCCCCACAGTATCGGGAAAGACTACGTAGAGTTAGAATTGC
AGAGAGAATGAAAGCTTCAAGAAACTGGTCCCAACGCAACAAGACAGATAAGCTTCAATGCT
TGATGAGATCATCGACTATGTCAAATTCTCCAGCTCAAGTGAAGGTTCTGAGTATGAGCAGATT
GGGTGGTGTGCTGCTGTTGCTCCCTTGTGGAGGGAGGTGGCATTGTATTCAAACAAAGTGC
CAATGGTGGTCCCACGAAATTCCAACGGCGACCAAACGCCGTCGGCCAACGACAGACTGAC
GATGACGGAGCACCAAGTGGCAAGCTTATGGAAGAGGACATGGCTCCGCCATGCACTGCA
AGAGAAGGGTCTGTGCCATGCCGATCTCTCGCCACCGCCATCTCAAGGCCACGTCTCGTT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

AAGGAACCCCATGATCAACCATGAAAACCGGCCAACGGCAGCCACCTTTGATTCAATCAAGCGG
 CGGCAGATGGACCTTCCTCGCCTAGCATGTCGTGTTGACAGTCCAGTCAGCCACCATGGGTAACGG
 TGGCCTTGAAGGTGGCCAGCCTCGTTCCAAGCCCTGATAACGGCGGTGACTGACATACTAGA
 GAGGAATTGAAGGGAAACAGCTTTAGTCTATGAGAATAAGGCCTTCTTCCAAGTATTTCT
 TAAAAGTACGAAACGACGCCGTATTCAGCTAGACTTAAAGCTAACCCCTAACAGACTGACCTCATC
 CAATCAAC

SEQ ID NO: 348, G. max TC229602

GGATTCATGAAGCCGACGAAGCCTCGCTAGCGAAAGCGCTTCGCGACGACGTCGTTGATAAT
 AGAGCTAACGATGTTTCATGGCAACCCATGCCTACTACTATGCCTGCTGCTCCTCATCCTCCA
 GCAATACGTCCTAGGGTGCGGCCATAAGAGGACAGGGTACAGATCCACACAGCATAGCTAACGA
 TTGCGCAGAGAAAAGAATAGCAGAAAGAATCAGGGCATTGCAAGAAACTGGTCCAAGTGTCAACAAG
 ACAGATAGAGCTGCCATGTTAGATGAAATTGTTGATTATGTCAAGTTCTAAGGCTTCAAGTGAAG
 GTTTGAGCATGAGTAGACTGGTGGAGCCGGTGCAGTGGCACCCTGGTAACTGACATCCCATT
 TCATCAGTCAGGAAGAAGGTGGTGAAGGTGCGCAGAACCGGCCAGCATGGACAAGTGGTCAAAT
 GATGGCACAGAAAAGACAGGTAGCTAACGTTATGGAAGAAAACGTTGGGCTGCCATGCAGTTCTT
 CAATCAAAGGCTCTGTCATCATGCCAATCTCACTGGCATGGCAATATACCAGTCACAACCACCG
 GACACTTCTAGCATAGTCAGCCTGAAACTAATCCTCCTTCAAGACCTAACATGTTGCACA
 ATCTATTATTATTGGTCCCATCCCAGGTCACCTAACACTTGCTGGGACCCACACCTAACCGCTT
 TTGCTGTCAAATCCCCCCCATAAAATAAGTCATTGCAAGGCATCAAGTTGCAATCAAAGTC
 AGATGCCATAATTCTCCTTTTGCCTTCTTCAGCTTGTCAATACAGGGTTCGATATCAA
 TGCCTGGAAAAGACAAGCAAACCCCTATATCATGTCCTGGCGTATTCAGTAGAGAGGAAGACA
 TTGTCAAAAGTTCAATTGATATGCGCTCTTCTAGTGTCAAATGGGTGGGGTAGTGGACCATG
 ATGTAGGCGCTTATAGTGGGCTTAGTTTGTAGTGGGCTGTGGGACCTCTAAAGGT

SEQ ID NO: 349, G. max TC205173

GTCACACAACAACGACGCTACTACTAACATGTCGCATCTTCCCTCGATGAGCACTCCAC
 CTTAGCCTCCAAGTCCGCAACCACCCAGATCAGCTCAAATAACACGCCAAAAACGCCCGGG
 GGGCGCTCTCATGCTCAAACACCAACTCCTCAGAGACTCTGGTCTTCTCAACATGCCCTTCT
 GCCCGGAAACGACGTCGTGGTGCAGCCTTCACTCGAATCCCCAATCCGAGTGGTAAAGCTTC
 AGTCAAACCTCTACAACGGGTCGCCGGATCTCTGCATGGCGTAGGCCAACCTCGAACAGAC
 TCAACATTTCAACACCCCTCAGGGAGTTGAATCCGATGCAAGGGAAAATTGGGGCGGTGCC
 AGCTGGTGGTAGCGCAGCAATCAGGCTCAGCGAGTGGCGTGCAGCGGGTGGCGGCCGGC
 TCAGCCGAGGCAGAGGGTCAGCGAGGAGAGGTCAAGCCACGCCAACAGCATCGTCAAAG
 GTTACGTAGGGAGAGAACGCGAGAGAACATGAAGGCCCTACAAGAACCTGGTCCAATGCCAACAA
 GACAGACAAGGCATCCATGCTAGATGAGATCATGATTACGTGAAGTCTCGCAGCTCAAAGTC
 GGTCTGAGCATGAGCAGATTGGCGGTGCTGCTGCTGCCCTTGTGCTGATATGTCCTC
 TGAGGGAGGCGGAGACTGCAAGCCAACGGCAAGAGTAACGGCGGTGGGGCCAGGCTTCAAC
 CACCAACACCAACACCAACAAAGACAGCAGCAACAAACCTCAAACGATAGCCTAACGATGACGGA
 GCACCCAGGTGCGAAACTAATGGAAGAACATGGTGGCTATGCAAGTATCTCAAGGAAAAGG
 TCTTGCCTCATGCCAATTCACTGCCACTGCCAATCTCCACTGCCACGTGTCCCACCAAGGAACGT
 TAACGTTAACCCCTTGATCAACGCCGCCGGAGCCACCAATTCCGACCGCAGCCAACCCGC
 CGCGAAGGGCGTCGCTCCGAGCATGTCGACTGACGGTGCAGTCCGCATCGCAGGAAACGA
 CGCGCCGCCCTCGTTGAAGCGTGTGACGGTGTGAGTGAACCTTATAGGAAAAGAAGAAA
 AAAACAAAGTGAACAAAGGACAGAAAATGACGTGTGTTTTTTCTTAAAGGAGGCCGTT
 AAAGTCTACGAAAATAAGGCGTCAGGGATACGGAGGACTCGACGACGCCGTATTCAGACTTT
 GTTGGCTGATGCTAACCTCAACCAACCAATTACAAACCTCACCGTCAATTACCTACTCTTC
 GTCTCTTTCTTATTATTGTTAATTGTTAACTGCGCTTGGTTCTGTTGTTATTGTT
 TTTAAAAATCTGGAGTGGAAATTCTCTTTGGTGT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 350, G. max TA55042

TTTTCTTCTTCTTCGTGCTCTCTCAAATTCAACAGAGAGACACAAAACAAAACATTCTCG
 GGAAGCGTAACCGCCCCAGAATTCCGACCATTTCACAGACCTGTTCTGCTCTGATGTTTTC
 ACCCCCCAAATGTGGCAATAAAAACGGGTGGCTTAATTGACACAATCGTGTTATTGCAAAGT
 TGAGATGGCAGGTAATAGTGGTTCAGAGGGGTTGGCGATGATTCTTCGAACAGATCTTAGCAGT
 GCCTGAAGCGGCACAGTGGGAATGTTGCAATTGGGGTCCACAACAGTGCTTCAGAGGAGCTTC
 TGGGTTAATGCCCTCTGGGCTTGAATTGGAACAAGCTGCCCTCAAGACACCAAGTTAACGTTGA
 CGACGACGTTGTTCATGTTAATGTTGATGATGCCACCATCCACCAACATCACCTCACTCTCCATAA
 CAACAACAACCTCCTCATCACCCCTTCCACTGCACCAATCACCGATAGGGATTCTATGCATATGAG
 GGGTTTATTTCGCGTTGGACAACTGCATACTCCTATCCGCCACGCTGCCATTGCCCTCCACC
 ACCTCGTCAGCCACAACCTCACCTCCACCATCATACAACCAATTTCAGGGCAGGAGCTGCAGCTCC
 AGCGTCAATGGCTGCTATGCCACAACCACCTGGGATCCGCCCTCGTGTGAGAGCAAGAAGAGGGCA
 AGCTACAGATCCTCACAGTATTGCTGAGCGGGTGCCTGAAAGAATCGTAAAGAATGAAGGC
 ATTGCAAGGAAATTAGTCCCAGCATCAATAAGACGGACAGAGCGCGATGCTTGTGAAATTGTTGGA
 CTATGTGAAGTCCCTAGGCTTCAGGTTAAGGCTCTGAGCATGAGTAGACTGGGGAGCTGGTGC
 TGGTGTCACTGGCTGATGTTCCCTTCTGCAGTGGAGGGGATCAGGACATAGAAGGTGG
 AGCCAATGAGCAAGCCTGGGACAAGTGGTCAATGATGGCACAGAACACAGGGCTAAGCTTAT
 GGAAGAAGATGTTGGGAGCAGCTATGCAATTCTTCAGTCCAAGGCACTTGATCATGCCCATATC
 TCTAGCCTCAGCCATTTCGATGCCCTAACAGACATCAACAGGCATCAAGCCTGAATCTAA
 CAGTCACTGATATTAGCGATAGAACGAAACAAAAAGTACATGACAGACACTAGATAATTAAATT
 TCTTCATCCTTAATTGACAAGGTAATATTCACTTCTGTATAATTAAATTTCCTGATTG
 GATGGAGAAGGATCTAGTGGTGCAGCTGGTCACTCTCTCAAGTTGTCAAAGAAGGAGT
 AATTGTTATTCCCTATTAGTAAAGTAAATCGGAGGAGCCAAGCAAATGTCCTTCATGGTAAAGGATTA
 TATTTCAATGGCCTTATTCAAGTTTCTGCAAATATCTGTGGGGGGTTGGTGGATGACC
 AAAATATTGAGTGGAACCTCTTCTGGTTAGTATTAGTCAGTGGGGAGTGGGACCAATT
 TAAAAGGAAAGGATGGTTACGAATGATGATCAGGAGAAAACCTTAATACAAGTGAATTATAATA
 TGGTAGTTACCTGTAAAGATGTTGGAACATCTGACCATTGGAAAAGCTAAAGATATTAA
 ATAATCACACATTGAGTCTGCTTCTCAAACAAAGTGATTTCCAGCACAAATTAGGTGA
 GAGTACTGAACCGACTGCTGAGAAAGTGAAAATGACAGTTGTTAATTACTGAACAAAAAA
 AA

SEQ ID NO: 351, G. max TC207545

CGCGTCCGCTCCGCCAGCGCTCCGATGATGCTCAGCTCAACTCCGGGAGCGCCGCCACCCAC
 CTAGCCTCTTCCACCGCCCTACCAAGCTGGCCTCAGCTGGACCAAGGTGAGGGACCCCTC
 CTCACGCCCTGAGGACGCCCTGGAGCGCAAGCGCTCCGAGCACGCCGTTGATACCAGACCT
 AACAAACGTTTGATGGCAACCCATGCCAACACTGTCCTACTGCTCCACATCCACCAAGCAGTG
 CGACCTAGAGTGGGGCTAGAAGAGGACAGGCTACAGATCCACATAGTATAGCTGAAAGGTTGCGC
 AGAGAGAGAATAGCAGAAAGAATCAGGGCTTGCAAGAACCTGGCCCTAGTGTCAACAAGACAGAT
 AGAGCTGCCATGCTGGACAAATTGGGATTATGTCAGTTCTGAGGCTTCAGTGAAGGTTTG
 AGCATGAGTAGATTGGGGAGCTGGCAGTGGCACCCTGGTAACTGATATCCCATTATCGTCA
 GTCGAGGAAGAAGCGGTGAGGGAGAACCAAGCCAGCCCTGGGAGAAGTGGTAAATGATGGCACA
 GAAAGACAGGTAGCCAAGCTTATGAGAAAATGTTGGGTGCTGCCATGCAGTTCTCAATCAAAA
 GCACCTGTCATCATGCCGCTCACTAGCTTCAAGTACCAACCCCTCAGGCACCTCT
 AGTATAGTTAAGCCTGAAACTAATCTCTTCAATACTAGTCAGAACTCTGGCACAGATGCACC
 ATCCAGTGGCCCCATCAAGGGCTCACCTAACACTGCTAGGACCCACGTGTAATTGCTGTTCAA
 ACCCCCTTAACCTTAGTCATTGGTTCGCATCAAGTTGCTTCAAGGTGGATGCCATAGTCTTCC
 TTTTGTGTTCTTCAACTTTTGTCTAGACAGGGTTGATGTCATGCCCTCAAAACACAAG
 CAAACCCATCTGATAAAATTCTGATAAAGGGAAAGAAATTGTCGAAGTTCACCTGATATGCTCT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

TCTTTTTGTATCAATTAGTGGGGGTTAGTGGAACGTGATGGAAGCGCTTTATAGTGGGGCTGG
TTTTTGTAATGGGCAGTGGGACCTTCTAAAAGGTTAGGGTGGTGTATATTTTATTAGTGTGTT
AACTCTTAGGGATTGAAATTGCGAGGCTGAAATGGATAATGATTGCTTAAACAATGCTGGGTGCT
GCTAGTCACCAGAAAATGATATTGCTTTTTTTTATTCAAGGTGTGCTCTAGTTAGTTATT
TAAAAGTACTTCGACCCCTTTTCTCATGCAGGGAGAGATGGAAGGAGAGTGGTGTATT
AAACCA

SEQ ID NO: 352, G. raimondii TA13791

TTCTTTGTTTCTTCACCTCCGGTTCTCTAGAAAAGGAAAGTCAGCTAACGAAAGGAAAAGA
AAAAGACTCTGAACCTTCCCCTTCAGTCTCTCAGGGACAGAGAAAAGATTAACGAAAGGAAAAGA
AAAAGACTCTTCTTTTCCCTAAAAGAAAAGTTGATCTTTTGTGTTGGTTCGATTCCTT
AGCCATTCTTTTGATGCTCTTGGTAGCCTTAACGCCACTCGACTCACTTCAA
TCCATGGCTAATAACCCCAACGAGTCCCCGCTGACGATTCCTCGAGCAAATCTCGGACTCTCC
CACTTGGCCTACTGAGACTGGCTAGCGGGGCCGACGGTAGATTGTCGAAACGCCACGACG
GCTGGAGGCCAATGCTTCTGCAGCTCAGCTCCGGCGTGGCACCGACACATGGCCTATAGGC
GGCGGTGGAGGCGGTGCGTTCACGGACAGGTTTCCATTGGGATTGAGCTGGAGCAAGGAAA
GGTGGGTTTGAAGCCGAGGAAGCATTGGTAGCAGCAAGCGTTCGCAACGAGGTCGTTGAT
GGCAGAGCTTTCTGTTAAAACGTTTCCATGGACACCAGTGCAGCTACTGTTGCTGCTGGA
CCACATCACCAGCAATGCGTCCGAGGGTGAGGGCTAGACGAGGCCACAGATCCACATAGC
ATTGCTGAGCGGTGCGCAGGGAGAGAATTGCCGAAAGAATCCGGCATTCAGGAACCTGTTCT
AGTGTAAACAAGACTGATAGACGAGCAATGCTTGTGAAATTGTAGATTATGTGAAGTCTGAGG
CTTCAAGTAAAGGCTTGAGCATGAGTAGGTTGGGCGAGCTGGTCAGTGGCACCACCTGTAACG
GACCTCCCACTATGTCAGTTGAGGTGAAGATGGCGAGGGAGGAAGAAGGCCACAGCTGGGAG
AAATGGTCAATGATGGCACAGAGAGAACAGTAGCTAAGTGTGGAAAGAAGATGCGAGCTGCC
ATGCAATTCTTCAATCAAGGCTTTGGCTATGCCAATTCTACGGGACTGCAATTCTAC
ACGCAATTCCGGATACCTCCTGTGTTAAGCGGAAACAACTCTCTCATAGACACCTC
ATGAGAAAAGAGGAAAAGAAAACGGTGTATCATATGGTGGGGAGACTGTGGACAAAGACGGAAG
CACTTTCTGTGAGTGTGGGATGGGATTTGGGTTGGGATGTGGGACCCGCAAAGG
AGATGGATGAGATGAGTATATTACATATTACAATAAAGATGAGTGTGTTAGT
GTAAGTAAACAGTGTAAATTCAAGGGAAGGGCTAAAGTAGAAGAAGGGATAATGGTGGCTGATTT
TATAAAATGCTGATTGAATAAAGATGGATTGGTACGTTCT

SEQ ID NO: 353, *H. petiolaris* TA1140

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

TTAAACCCGAGCCATCTGCTCCTCTTAGAGAGCATCTTACATGCTTCTCTCTTATAACAACACT
 ACTACTACTACCTTTCTGTCAATTGGTTGTGCCCAACCCCAACCGATGTCTCTAATT
 GATGGACATTTGTATGAGGAAGTAGGAAGAACAGGGGATGTGTATGCCATCTCATGTGTC
 CTGGGGATTATTTATTATCTAGATTAAAATGTATTCTAAGAAAATCTCTCACATGGACAACCC
 TACCCAACCTAGCTGTGTTATTATTGTTAATATCTAAATGATTGG

SEQ ID NO: 354, *H. vulgare* TC140470

CGGGCAGGCAGCCGATCCCCACAGCAGCAGAGGGCTAAGAAGAGAGGAGATGCGGAAAGGAT
 GAGGGCCCTACAGGAATTGGTCCCCAATACGAACAAGACTGTAGGGCAGTTATGCTAGATGAGAT
 CCTGGATTATGTGAAATTCTTAGGCTCAAGTAAAGGTTAACGATGAGCAGATTGGGTTG
 TGTTGCTGTTGACAGCTGTTCTGACATTCACTTCAAGTTAACGATGAGCAGATTGGGTTG
 GGGCAAACAGCAGATATGGAAAAGTGGTCAACGGATGGCACGGAGAACAGGGTGCAGCTGAT
 GGACGAGGACATCGGTGCTGCAATGCAATTCTCAATCCAAGGCCTCTGCATGATGCCAGTCTC
 TCTTGCCATGGCTATCTATGACACACAACATTACAGGACGGCAACCAGTGAAGCCTGAACCAA
 CAAACACTGCCCTAGTATAGTAACAGCAGCTGCAAGCCGATCCCTGCAGCTGCTAGTAGGCATGCAT
 GAACCTACCATCAAAGTGTAAAGATGAAAATGCTGGTTTGATCCACTAACAAACAAGGAGGCAGG
 AAAAGACCTAAAAGATCCTCTCCACTGGAAGTTGTATGACGGTATATGATGTCACCTACTACCC
 TTTCCATTTGTTCAAAGGTGTTAATTTCAGGATATGGTAAGCAAT

SEQ ID NO: 355, *L. perenis* TA3490 part

TTTCACCCCTCTCATACGCCACTACGCTTCTCCTCTAAACCAGACTACGATTCTCCGGCATGG
 CGACAGACCCGCCGGAGGGCTACGGAGACGACTTCCTGAAACAATTCTCGCGATTCTCTTACA
 ACATCGCCGGATGCTTGCTGGTAATACCACCGATGCTAATGCTCTGAAACGGTGTCTGTCATC
 GTCAACAGCAACAGCAGCAACCGGTTTCCCTAGGTTGAGTCTGATAATGGCGTGAACAA
 TCGGAGCGTTGCAAGGGCAGCAGCAGCAGAGGGAGAGAGGGAGTATGAACATGACTGGATTGT
 TTCTCTATTGAAAATTGCACTACATTGCTGCTTCTATTCTGTCATTCTCAGGCTTTCAAGGGC
 AATCAACTTACAGCTACAGCTGCACTGTTCCCCTACCTCAGGCTTCTATTGCTGTCAGGCTGGGGCC
 GCAGAGGACAAGCCACAGCTCATAGCATAGCTGAGGCTCTAGGGAGAAAGAATTGCAAGAAA
 GAATGCGGGCTTGCAAGGAACCTGTTCTAGCTGCAACAAAGACGGATAAGGCTGCAATGCTGATG
 AAATTCTGATTATGTTAAGTTCTACGGCTCAGGTCAAGGTTCTAGCATGAGTAGGCTGGGTG
 GAGCTGGTGCAGTGGCACAACCTGCTATGACGTCCCCTACAATCCGTGGAGGGGACACGAGTG
 AAAACGGATAATAATCAACCCGATGGAAAATGGTCAACAGATGACACAGAACGTGAAGTAGCAA
 AGCTCATGGAAGAAAGATGTGGGGCCGCTATGCAATTCTCAATCAAAGCTCTATGCATCATG
 CCCATATCACTGCTTACTAATTACCCGCCAACACCCGACTCCAATTCCATGTTAAGCCC
 GAAACTGTCG

SEQ ID NO: 356, *N. benthamiana* CK293938

TAGCCGGAGATAATCTCCGGCATGGCACAACCAACCGGAGGGCTATGCCGACGATTCCTCGAG
 CAAATTCTCGGATTCTCTTACGCTGGCTTGGCGCCGGTGGCTGACGTGGAACTTCATCAGAA
 ACGACGTCGTTCACTTCGGCATCTGCTGCTGGTCAACGAAACCGTTGTTCCGCTGGACTAAC
 TTGGAAAACGCCGTGATGACGTCAGCGATGCTGGTCTATGCACTGAAAGCATGAAAGAGAAGGA
 ATAATATCGGAATTATATGCGGGTCTAGAACATTGCAATCTCATGCGGTTGTCACGCTGTG
 CCTCTGTTCACCATATCCAGTCTTCAAGGCCACCAACAAGCACAACGATGACTGTACCG
 CACTCACCGACAATTGTCCTAGGGTTCAGCTGGAGCTGGAGGGACAAGCCACAGATCCACATAGCATA
 GCTGAGAGGTTGAGAAGAGAGGAGATCAGAAAGAATAAGGTTGCAAGAACCTGTCCCCAGC
 TGCAATAAGACAGATAGGGCTGCTATGCTGAGGATTCTGACTATGTAAGTTCTAAGGCTT
 CAAGTTAAGGTATTGAGCATGAGTAGGCTGGAGGAGCCAGTGCAGTGGCACAACCTGTTGCTGAC
 ATTCCGTTGCAATCTATGGAGGGGACAGTGTGAAAGTAAATCCAACCGATATCTGGGAAAAG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

TGGTCCAATGTTGACACAGAACAAAGAGGTTGCTAAGCTCATGGAGGAAGATGTTGGTCAGCCATG
CAATACCTCAGTCCAAATCACTCTGCATCATGCCATATCACTTGCTGCACTTATCTATCCTACT
CAGCAACCGGATGACATGTCCATGGTCAGGCCAACCGGAGCCCCGTATAGACCTCCAATTAA
TTGCACGTGCTCTGAGAACTCCT

SEQ ID NO: 357, *N. benthamiana* TC7102

CTTCTTTATTCTCTCTCCACAAAATCATCTATTCTAAATTGAGTCATATACTTGACAGAA
GTTACTAAAGATATAATGCAAGCCATGAACCAGTACGATCCGACGTCGTCACGACGATTCCTC
GACCAAATTCTCTTCCGTTCCCTCTTCTCACTTTGTTGGCCTGACCTTCAAATCCTGGGAC
CCACACCAACCACCCACCTCTCCGCCGCTGCCCTAACCCCTAGCTCCGGCAGTACCCAGCTT
CCTCTTCTAATCCTCTCAGCATTCCAATATGACGACCAAGTCTTCTTCTGCTGCCAG
CTCCGCCAGCACAGATCACTGGGGTGGTGGCGGGCGATGCTGTAGCAGCTGCTAAAGCA
CTTTGCTCCAGCAGCAACTTTGCTTTCTAGAACACTAGCCGAAACGGCCTAGGTCTCGACT
GGAGCCTCCGGCATAACGGCTTCTGAACATGCTCGGTAAATGGTACCAAAACGACAGCGTCGGA
AATCCGGCTAATGACAGTCCGTTCAAGCTTTCAACGGATTCACTGGATCTTGGTCAAAC
TCAAGTCACCTCAACATTCTCCATCCTCAGGGAGGAAGGATGCAAGCGCAGAGTTGGAGCT
CCGGCAACGGCGCCGGCGATGAATCAAACCTCCGGCAGCAAGTGGTCAGCTGGGGAGGTACAACG
CCGGCGCACAGCAAAGCAACAGCAGTGGAGAGCTGAGAGGACAAGCAACTGATCCTCACAGT
ATTGCTGAACGATTACGTAGAGAGAGAATTGCAAGAGAGAATGAAGGCTTGAGGAGCTGGTACCC
AATGCCAATAAGCGGACAAGGCTTCAATGCTGGATGAGATCATGCACTATGCTAAATTCTACAG
CTCCAAGTCAAAGTCTGAGTATGAGCAGATTGGGTGGTGTGAGCTGCTGGCTCCCTAGTTGCT
GATATGCTCTTGAGGGGAAGAGGAAGGAAATGGAGGAAGGGGGAGGAAACGGAACGGCGTCGTCT
TCAAACATGACAGTATGACGTAACGGGACCCAGGTGGCTAAACTAATGGAGGAGGATATGGGT
TCAGCAATGCAATATCTACAAGGGAAAGGCTTATGCTTAATGCCAATTCTTAGCTACAGCTATT
TCAACTGCCACGTGCACTCCAGGAATCCCATGATCCCTAACGGCAACGGTGGCAACACCCACTA
CTAGGCGGAGGAGGAGGAGGCCCTGCCACCAACGGCGTGGCGAGGCTGGGACCATCCTCTCCT
AAGTTGTCGGTTTGACTGTCAGTCAGCCACGATTGTTAAGGGTGGAAATTGATCCCTCCGTTAAA
GACGCTACTTCTGTTTGAGCTTAAGAAGTTGTTGGAAAGTTTTAACGGCTTAACGTT
CACTGACCCCTTGCCACGGAGAAAAAAGAAAAATGTGAAAAAATAGTCGTGGCGTCAAAGTTAA
GTCTACCAAAATAAGGGTCTTTAGTCTTATTTTATCTTTCTCAGTTCTATGAAAAAAA
AAAAGAAGAAGAGAGAACCAAGAACGACGCCGTATTAAGGTAGACTGGCTGAAGTAAGCTTAAC
TAAGCTAACAGCAGGAAATGCCAATGGAAATGAAGTACTTATGTTCTTTAATCTTTCTCCATA
ATGATGATCTTGATTCCCTGTTACTTAAGTTCTTAATGGAGTATTGTTGGAAAGGA
TATATATATA

SEQ ID NO: 358, *N. benthamiana* TC7103

GATCTCTCATTCATTAACGGGAAAAGAAATGCAAGCTATGAACTCACAAATGCACTACAGAAC
AAAATGGAGCTCGTCCGGCCAAAATATGAGTCAGTCTCATTTGACCCGACGTCGTCACGATG
ACTTTCTCAACAGATTCTCTTCCGTTCCCTCTCCCTGCCGGACCTCTCAGCGCG
GTGACGGTCATTTGACGACAGTCATTTGCTAGCTTCAAGCTCCGGCAGAACATGAGATCACCG
GCCGGTGGTGGCGGTGGCGCAGCTGCTAAAGCGTTGATGCTTCAACAGCAGCTTGTGTTCTAGAG
GATTACTGCCGGTAATGGTACCAAAATGATGACGTTGAAATCCGGAAAATGAGATTTCAAGTTC
AAGCTTTACAATGGATTGCTGGATCTTGGTCAAACCTCTAACTCAACCTCAGCATTTCACC
ATGCTCAGGGAGGATCCATGCAAGCGCAGAGTTGGAGGACCCGGCGTCGACAATGAATCAAA
CGCCGGCGGGCAGTGGGGTTCAGCTGGGGAGGGCAGCCAAGCAACAGAAAGTTAGGGCTCGGA
GAGGACAAGCAACTGACCCCTCACAGCATTGCTGAAAGATTACGGAGAGAAATTGCTGAGAGAA
TGAAGTCGGTGCAGGAGTTGGTACCAATGCTAATAAGACAGACAAAGGCTCAATGTTAGATGAGA
TCATCGACTATGTCAGATTCCCTCAGCTCAAGTCAAAGTCTGAGTATGAGTATTGGGGTGGTG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

CTGCAGCTGTTGCTCCCTAGTTGCTGATCGGTCCCTGAGGGGGGAGGGAGGTGATTGTGCACAAG
 CAAATGGAGGAGGGAGGGCAGTAATGGAACGACGTCGTTAGCTAACAAATGACAGCATGACGATGA
 CGAACACCCAGGTGCAAAGCTAATGGAGGAGGATATGGGATCAGCCATGCAATACTAACAGGAA
 AAGGCTTATGCTTATGCCAATTCTTAGCCACAGCTATTCCACCGCACGTGTCACTCCATGA
 AACCTAACAAACCACTACTACACGGCGCGGAAGCGGAGGCTCTGCCCATCACGGCGGTGGTG
 GTGGACCACCTCTCTAGCTGCGCTTCACTGTCCAGTCAGCCACGATGGTAACGGGGCG
 CTTGAGTTGTTGAAATACTTCGTAATTACGACGTTGACTGTTCAATTATCTTCTAGAA
 AAATACCGAAAAATGTGAAAAAGTGGTAAAATTCTGTTAGAGCTGAAATTCAAGGCC
 TTTTCACATGGGACAAAAAGAAAAAGAAAAAGGGTAATTGAAATGTTAGCTCTAAAT
 ATTATTGTAATTCTGATTAGTCGTTGATATTATTAAATTGATTTAACATTGAATTAAAT
 GATAATATGGGTGTTTGTGTTACATAT

SEQ ID NO: 359, N. benthamiana TC8633

GAAATATTAAACAATTGCTTTATTGGTAACCCATTGGACAATATATTATAATCAAAGCTT
 TTGGTGACACCATTGCTTTATTCTCATCGCTCTACTGTTCTATAGAAAGTAGCAGCAAC
 CAAATAATAAACACATAGAACACTCAAACACACACTCCATTCTTCTATATATACACA
 AGTACACTCGTGAGTAGTACTGAGTACTAGTTGATCATCTAAATTACACATGTTAAAAAACAC
 TTACTAGTAATTGCTTTCTGAGAAATTAAAGTGGTCGAGAAAAAAATCTGTTACAGCTATGGCT
 AACAAACCCATCAGAAGGTCTGATGATTCTTGACCAAATCTGGGATTCCCAGCTATAACGGA
 GCAGAAACCAATTGGCGGGAGTGTGCGGAGCAATTCCGCCGGATGCTGTCAGCTAAC
 TCCGGCGATGCGTGGTCACTAGTCCGGATGGGTCTGGTGGACTAGGTGGTGGTGGGG
 TTCCATCATCCATCTCAGTCCGGTCTTTCCATTGGGGTGGTGGACTAGGTGGTGGGG
 TTCATGAAGATGGATGATGTTCCGGCGTACCCGGAAAGGAGATTAGAGATGATGTTGTTGATAGC
 AGAGCTTCTCTCTGTTAAACCTGTTATGCCCCATGGCAACCGATGCCCTAACATCCCCA
 GCAATACGCCAAGGGTAAGAGCAAGGCAGGACAAGCTACTGATCCACACAGCATTGCAAGAGGG
 TTACGTAGAGAGAGGATAGCAGAAAGAATTAGAGCATTGCAAGAGTGGTCCCAATGCAATAAG
 ACCGATAGAGCCATAATGTTGATGAAATTGAGATTATGTCAGTTCTACGCCGCAAGTGAAG
 GTGTTGAGTATGAGTAGGTTGGGAGGAGCTGCTGAGTGGCACCCTGTTACAGAAATTCCAATA
 TCATCAGTAGAGGAAGAGATCAGTGAAGGTGAAATAATCAACCAGCCTGGGAAAGTGGTCAAGT
 GATGGTACAGAAAGGCAAGTGGCAAACCTTATGGAAGAAATGTTGGTCTGCAATGCAATTCTT
 CAGTCTAAGGCACTCTGTTATGCTTCTGCTTCTGCTCATCAGCAATTACACTCTAACCA
 GATACATCAAGTCTTAAAGCCAGAAACTAATCCTCTCTTAGAGATCCTTATTAGAAAGCTGG
 CTCGGACATCACGTTAAATTCTGGAGTGGATGGTCCACAGCTTTTACTTAAAGTGAACATGCA
 ATGACCCCTGAGAATTCTTCTGGAGTGGATGGTCCACAGCTTTTACTTAAAGTGAAGTAC
 TATTTAGCTTGTGAAAGACACGTTCAATGTTATGATAAAAGTAAACCTTTTTGTGATTGA
 TATGATATATAATTCAAGCAGAAGAAGAAATTGTCAAAGTTCTGCC

SEQ ID NO: 360, N. tabacum TC12771

AAAACAGAGTCATTCCATTCCATTCCGTTCTCAAAACCTTTATTAACTTCTCTGCCGGAA
 AAACCCCTTCTCGCCGGAGATAATCTCCGGATGGCGACAACCAACCGGGGGCTATGCCGAC
 GATTTCTCGAGCAAATTCTCGCGATTCTCTCTACGCTGGCTGCCAGTAGCTGACGTCGGA
 ACTTCATCAGAAACGACGTCGTTCACTTCGTATCTGTTGCTGCTGCTGGTCTACAGCAACCGTTG
 TTCCCGTTGGACTAAAGCTGGATAACGGCGTGATGACGGTCAAGGGATGCTGGTCTTATGCTGTG
 AAGCATGAAAGAGAAGAATAAAATCGGGAAATTATGCAAGGTCTAGAACATTGCAATCTCAT
 GCAGTTGTCACGCTGTGCTCTGTTCACCATATCCAGCCTTCCAAGGCCACCAACAACAGC
 ACAACAGTAACTGTACCGCACCCACCAGCAATTGCTCTAGGGTTCGAGCTCGGAGGGGACAAGCC
 ACAGATCCACATAGCATAGCTGAGAGGTTGAGAAGAGAGAGGAGATATCAGAAAGAATAAGGCTTG
 CAAGAACTTGTCCCCAGCTGCAATAAGACCGATAGGGCCGAAATGCTGATGAGATTCTGGACTAT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

GTGAAGTTCTTAAGGCTTCAGGTTAAGGTATTGACCATGAGTAGGCTGGGAGGCCAGTGCAGTG
 GCACAACGTGGTGTGACATTCGTTGCAATCTGTGGAGGGGACAGTGCAGAAAGTAGATCCAAC
 CAGCATATCTGGAAAAGTGGTCAATGTGACACAGAACAGAGGTGCGTAAGCTCATGGAGGA
 GATGTTGGAGCAGCCATGCAATCACCTCAGTCAAATCTGCATCATGCCATATCACCTGCT
 GCACTTATCTATCTACTCAGCAACCGGATGACCCGTCAATGGTCAAGCCGGAACCCGAGCCCC
 TCATAGACCTCCAATTGTTGACGTGCCTCTGAGAACCTCTAATAGCCTTGTGCTTACCCCTCT
 TTGTATCCTTACCTACTATCAGTGTATTCTCTGCAATTGGTGGCAATGCAATCAATGTCAGA
 TGCCACAAATTCTCTTTAGCCCACCATGGCCCTTATTACCTTCCGGAGTTTCGCTCAA
 ACAAGGCATGATGTCATACCTGGCAAAGGTAACGCTGAAAGCACCCAAATCATTATCATCAT
 TTTGGATGAGGTGAGCAGCTTTCAAGTTATCTATGATTAGCTGCTCTCTGCCATTGTTG
 TGGGATAGTGGGACTCTTATCTTGCATAGGATTGGTGGGGCGATGTAAGTAATCAAC
 TGGTTGTTGAAAGTGTAAATTAAGTATATTATGCAATGGATAGTTGATGTCGCTCTCC

SEQ ID NO: 361, O. sativa Os02g35660

GACCGCAGTCGAGAGACGGGAGAGCAGTGCAGTGCAGTGCAGTGCAGTGCCTCGTCTCCCTCC
 CTCCCTCATACTCTCTCTCCCTCCCGTCTCTCTCCCCGCCAAAGCGGAGCGCGCGGGTTATAT
 ATATATATATATACAGCACTCCCTCCTCCCGCACGTGCCCTCGACTCGCCCTCG
 TCAGCCGTCGACCGCCCCACCCGTGGATTGCACCGGAGATCGGAATGGCGGCTTCGCTACC
 CCTTCACCGCGTCGCCCGGTGGTCGCGGGAGCGCCTGTCGCTGGCTGGCGCAGGGCG
 GCGTCTCTCTCTCGCGACGCTTGGTGAGCTACGGTGGCGACGAGGAGGGCGCGTTCC
 TCGGCAAGACCGCCCGTCGTCCTCCAGTACGGCGAGGCTGACGAGCAGCAGCTGCTGG
 AGGCTGAGCTGCTGCGCACGGCGACGGCTCGGCTTCGCCGCGATGGACGACGACGGCGGCC
 CGATGCTGGCGCGCTGGAGCGTGCAGCCATGCCCTCACCGACAGCGGGCCCCCGGTACATCT
 GCAGCAGCAGCTCCAAACGACAGCAGCGGGAGCGAGCACTCCCGCCATGCGCTGAGGAGGCGGCT
 TCCCTCGCGAGAGCAGCAGCACGACGTCGCGGGCGCCCTACGCCCGGGAGGTGTACTCCCGT
 CCATGGCCGGGGAGAAGAAACCGCGAGACCTCGGTTGGCAGCCTTCAATGGCGATCTCC
 TGCAGGAGGCGACCGTGTGAGCAAGTATCATCATCAGCAGCAGCAGCTGGCGTTGCTT
 CGTCGAGCCGCATCATCTGAATGATGACATGATTCAACACTGGAAAATTGATGCTTTGCTT
 CTGGACAGCAGCAGCTTACCCCAAGATTGACAGCGCTGAGATGCCAGAAGGAATTGAGCAGTG
 GCCTGCACCACCTCAATCTCTCGCTGATTCTGGACACTCGCAGTCATTCAGTCAACACAGA
 GCCATAGACAGCCTGCTGAAGCTGGTGGCAAAATGGCGGCCCTCCATTGTAACCTAT
 CTGAGGTGCTACCAAAGGGCAATGGAGTGGTAGTGTGGAAATGGAGCACCCAAAGCTCGTCA
 GGGCTCGCCGAGGCCAGGCCACCGATCCCCACAGCATCGCAGAGAGGCTCCGGAGGGAGAAGATCT
 CTGACAGGATGAAGGATTACAGGAGCTTGTCCCAAACCTAAACAGACTAACAGCATCCATGC
 TCGATGAGATCATCGACTATGTGAATTCTCCAATTACAAGTCAAGGTCTTAGCATGAGCAGGC
 TTGGAGCGCCGAAGCCGTTGTCCCTCTTGACAGAAACACAAACCGAGAGGCCCGGGTTCTCC
 TGCCCCAAGGATCATCATCAGGAGAAAGGCAGGGCAGGAGCAGGAGCAGTAACAGGAGGGCTCCCCG
 GCGATCAGCCGGAGCTCTGGACGGCGCCATGTTGACGAGCAGGAGGTGGTGAAGCTGATGGAGG
 ACAACATGACGACGGCGATGCACTGAGACAGCAAGGGCTCTGCCATGCCGGTGGCGCTGG
 CGTGGCGATATGGCAGAGAAGGGAGCTCTCGGCGCCGACGGAGAAGAAGAAGAACG
 GTGATGGCGATGGCGGGCGACGGAGGAGGAGCTGAAGGGAGAGTTGACGCACCGAGGAGGCC
 CTGTCGGCCGGGGAGAGGAGATGGAGCTTGTGAGGACTAAGCTAGAACCTCTGCTTGTGAGGAG
 ATGGAGCTTAATTGATCTAACACTTGTCACTTATATGTTTATTATGAAATTAAATTGCA
 AAGTTGCAACTGGTGTGATCTGCAACTACATTGCGCGTATTAGAAAATTGTTATATGGAGGTAG
 TTATTAAATCATATATAATTATTTGTATTGTCGGTCTTGCAGAACATGCCATTCACTGAC
 TTGATATTG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 362, O. sativa Os02g55250

ATGCAACCCAAACGCCGCAAATGCGCGGCCGGCGCGCGCGCGCGGGCAGGACGACTTC
 TTCGACCAGATGCTGTCCACGCTGCCGGCGTGTGGTCCGAGCTCGCTCGGCAAGCCCCGCTGG
 GACCTCACGGCCGGCGCGTAGGAGGAGGAGGAGGAGCACCAGATGACCACTCGCCGCGCGTT
 GACGACTCCCGCGCTCTCGCCTCCCGCTCCGAGCACCAGATGACGCGTGAGGGCGACAAGCCC
 ATCATGCTCCAACCTCAGCAGCTCCACCGTCACTACCGGCTCGCCGCCGGCAGTGA
 GCTGCCGGGTTCTTCCCTGTGCTGTTGCTGACGGCTCGCAGGACGACATCGACGCCGCTTC
 AAGTCCCCAATGGCGCTAGAGGTGACCATGCGCTGTACAATGGGTCGGGGCCGCCGAATGCAT
 GGCGCCGCCCATGCAAGCCGCCGTTCGGGCAGGGAGGATCAATGCCGGCGCAGAGCTCGGT
 GGCGGAGGGCGCGAGCGGGCGGGCGGGCGGGCGGGCTGGCGTGGCGCAGCGCGGGCTGGGCA
 TCGTGGCGGAGGGCGGGCGGCCGCCGCCAGCGGAGCGGGCAGGGAGAGGGCAAGCCACT
 GACCCACACAGCATGCCGAACGTCTCCGGAGGGAGAGGATAGCTGAGAGGATGAAGCGTTGCAG
 GAGCTGGTCCAATGCCAACAGACCGACAAGGCATCGATGCTCGACGAGATATTGATTATGTG
 AAGTTCTCCAGCTCAAGTCAAGGTTCTCAGCATGAGCAGATTGGGAATGCCAACAGCAGCGGGAAAC
 CCTCTAGTGGCTAACATGTCACTCAGAGATAATGGGAATGCCAACAGCAGCGGGGAG
 GGCAGGGGGCCAATGGCAGCAGCAACAGGGACAACAATGGTGGCGGACACTGGGGGTGACGGAG
 CAGCAGGTGGCGAAGCTGAGGGAGGAGACATGGGCTCCGATGAGTACCTGCAAGGGGAAGGGG
 CTATGCTGATGCCGATCTCTCGCAACGCCATCTCCGCCACCTCCTCGCTCGCTCCCTCCCC
 CGCACTGGGGAGGGCTGGAGGGTCCCTACATGAAGGGTAATGGTACATCACCACATTGGT
 AATGGCACCGCCACCGGATGTGACGACGCCAGTATTCTGTTAAATTGTGAGCTG
 TCCTGTTCTCTGCTGAATGAAGACTGTAGAGGTAAAGGAGGAATCGAAATTATTGGTCCAGAAGGGA
 CCCTGA

SEQ ID NO: 363, O. sativa Os03g58330

ACCTCGCTTCACACTAGCCGAGGAGACCGAGCGAGCTGCTCTCTCTCCGCCCGCGTC
 GCCGACGTCGAGGCCGGTCGACGTCGACGCTGCCGGGGATGGCCGGGAGCAGCCGCAGCAGCA
 GGGCCACCGGGAGGACGACTTTTCGACCGACTTCTCTCCCTGACCAAGCTCTCCCTGGCGCCGC
 GCCGGCGGCCGCGCCGGTGACCGCCCTCTCCCTCGCGCTCAGCCTCGACGCCGCGCG
 GGCGGAGGGCGTCCGGAGCGGGAGAGGGCTCGGGTGGCGATGACGCCGAGGGTGGCGAGCAA
 GGCGGATCGGGAGACCGTGCAGCTCACCGGACTCTCCGCCGGTGGCGATGACGCCGAGGGTGGCG
 GCCGCCAACCTCCGCCCCACCCGCCAACCGGACTCCAGGTGTTCCACCCGAGCAGTCGAAGCAGGGCG
 AGCAGCCGTCGGGCCAGCCGCCGGCGCCAGGGCGAAGGTGCGAGCGCCGGCTGGGCAGGGAC
 CGACCCCCACAGCATCGGGAGAGGCTAACAGAGAGAGAACATGAGAAAGGATGAGGGCCCTACA
 GGAATTGGTCCCCAATACAAAAGACAGATAGGGCAGCTATGCTAGATGAGATCCCTGATTATGT
 GAAATTCTGAGGCTGCAAGTAAGGTTTAAGCATGAGCAGGCTGGTGGCGGGGTGCTGTTGC
 ACAGCTGGTGTGATATTCCACTTCACTGTAAGGGGAAGCAAGCGATAGTGGGGCAACCAACA
 GATTTGGGAAAGTGGTCAACGGATGGCACAGAAAGACAGGTGCGAAGCTGATGGAAGAACGACAT
 CGGGGCAGCGATGCAATTCTCCAATCCAAAGCACTCTGATGATGCCAATCTCGCTGCCATGGC
 AATCTATGACACACACAAACACAGGATGGACAACCCAGTGAAGCAGAACCAACACTCCTCTTA
 GTATAGTAATAGCAACTGTAAGTGTGAACTGAATGTTACAACCCCTAGTAGACATCAACCTAT
 CAAAGTGTAAAGATAAAACAGCTGTTTGATTCACTAACAGGAGGGAGGAAAGACCTAACAGAGAT
 CCTCTCCACTGAAAGTGTACCAATGGTATATGATGTCACCTTCTGTTATCATCTTTGTTCAAAG
 GTGCTTGTGATTGCAAGGATATGTTGAAAGCAATAGCTGCTCATCTCTACACCTTCAATGCCCT
 ATGAGCGCGGGTATTGAGAGAGCTACTAAAGAGTCTGGCATGCTCTCACATTGCTCTTTCGAG
 TCTGTAGTGCACCAACCATACACTTGTGGTGGGACTGCTTTTTGGTAGTGGGTGTTGACTA
 ATCAAAAGGGATTGATGTTGATGTTGATGTCATTTATCTCCATTGGTAAAGTGGAGGGCGGA
 GATGAAATGGAAAGATGATTGATGTTGATGTCATTTATCTCCATTGGTAAAGTGGAGGGCGGA
 GGCTTGGTCAATGGAGGCTGAGCGTGCCTAACAGCTGATCGTAGTGGGTGCTATCTACATCTA

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

CATGCACTACTGTTGATCTATTGTGACATACTCTTGATAAGAACTGCGGTATAAAGTTAATCT
TTCTATTGGCATTAACTCATAGAATTACTTGTATTTCGCCATGAGTTCTCAACTACCCACAT
TATTGTGAAAGAACAGCTGTTCTTGTACTGTTACTGCCCTCACACAGGGTTCTGAGTTGT
GGACAAATTGTGAGAACTACAGCAAGGACTATTGAGTTTTTGTC

SEQ ID NO: 364, *O. sativa* Os06g08500

ATGCAGCCGAGCAGCCGAGCACGGTCGCCGCGGCCGAGGGGACGCAGGATGACTTCTTC
GACCAGATGCTCTCACGCTGCCGCGATCCGGCGACCTGGGGCGCCGGCGCAGGATGACTTCTTC
GGGAAGTCGCCGAGGGCTGATCCGGCAGCAGGGCGGCCGCGCTCGCAGGTGTTGACGAGTCG
GCGCTGCTGCCGCTCCGGCATCACCAAGATCGTGGGGCTGGCGCGGGGGAGAGAAAG
CCGGTGAATGCTGAGCTGAGCGAGCTGACCCGGCAGGCCGGCGAGGAGGACGGGAGCGG
GCGTTCTGCCGCTGCCGCTGTTACGGACCCGACGACGTGCCGCCGGAGGAGATGGAGGGC
GGCTTCAAGTCGCCAATGCCGCCGGAGGCAGCACGCCGCTGTTCAACGGGTTGCCGTCAC
GGCGGAGCGGGGGCGCCGGCAGCCGCCGCTCGGCCAGCTCGGAGGGAGAGGATAGCGGAGCG
ATGAAATCGCTGAGGAGCTAGTCCAACGCCAACAGACGGACAAGGCGTCATGCTGGACGAG
ATCATGCAACTACGTCAGTCCCTGCACTGCCAACGTCAGGTTCTCAGCATGAGGCCCTGCC
GCCGCCGCGATGCCGCCGCTGGCGAGCATGCTGCCAGGGGAGAGCAACGGGAGCAGCAAT
GGCGCGGTGGCAAGGGAGCGAACAGGGCGGCCAGGGCGGGCGGGCGGGAGGAGGA
GGAGGAGGTGGCACCGGTGGTGGGATGCGGTGACGGAGCAGGGCGAAGATGATGGAGGAG
GACATGGGCACGGCATGCACTGCACTGCCGCCGGCCGACCTGCCGGCGATGTCACGGCAG
TCCGCCATCTCGTCCGACCTCATGGCGCTCGCTCTCCCCTCCATCCGCCACGCC
GCCGCCGCGACGATGCTGATGCCGCCGGCCGACCTGCCGGCGATGTCACGGCAG
GACCCACGGCACGCAAAGGCGGACGGCGGCCGGAGCAGCAATGA

SEQ ID NO: 365, *O. sativa* Os06g09370

AGAAGGGGTGACTAGTAAACAAAACAAAAAGAATAGGTGAGACTTCCCTGCTATCGTCAGCATT
TTCAGCCCCCTCCCTGGGCTGGCTCTGCATCATCATCATCAGCAGCAGTCAGTCATCCA
ACCGTCTTCAGTCCACCCGCAAGAACGCCACACTTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCC
TCCGCCTTCCCTCCCTCCCTCGTTCTCCACACCCACTCTCGGCTGCCGCTCTCCGGCT
TCCGCCTTCCCTGTCGGGTTAACAAAGTTACTTCAGCAGGGTATTCTGTCAGAGG
AGGAACCTGCTGTTGAGCATCAATTGGTAGCGTGTACAGGATTATCAGCTGTA
AACACTTGGAGCATCAATTGGTAGCGTGTACAGGATTATCAGCTGTA
CTGGCAATTCAAGGTTGAGACTATAATTGGTAGCGGCTGCGAATCATATGCA
GAAGCCTACCACTTCAGGCTATTGATGGGAGCTGGATCAGATCGCAGTTAAAGAT
ATGAAAGGAACCCACTATGCTGCAAAATGGATGCTTCATACA
CTGGCCAGATTCTACCTAACGGGTGAGCTCCCTAACATCTTCTGGATCTCA
GCAGCAATCTCGAAGCAATTCAATTCCCCAACGGGTTCTCAGTCA
TTGATGCGAAATTGGATAACACTGGTCTTGCAAGACTGCTCATGCTTGT
GCAATGGTAGTGACATTCTGCTTCTGCTGATGTCATGCCGTTCTCAG
GGTCAGCAATTCCAAAAGCTTCCCTCATGGAACCAAGCTAAATCT
GGGCAACAAAATGGTAGTGGAAACAAAAGCTTCCAAATGGGA
ATGCTGCCATAGCATACTACATGATAGCAAGAGTTCTCA
ATGGTGGTTCCATCCCTCGTTGATA
GTACTGCTCTGCAAGGACTAGGGAGCGGGTGGTTGAAGGGT
GCTCAACAGGAGAAAATATCCGA
ATATAACCTCTCCCTACATTACATCTGGTAGTCATTGG
CAGTTACTGATGTCACAAGGGCACCAC
TTCCCTCAAAGATA
ACCAATTGATCCATGACCATAATAGTGAGTAC
CTTATTAAACCATTCTCTG
ATGTGGAAACCCAAAGCAAATTCA
GACTCCTGGAAATAGT
GCAATGCGAAGCCACGTACAAGGGCTC
GCCGTGGACAGGCAACTGATC
TCAACAGTATTGCTGAACGGCT
GCCGCCAGAGAGAAAATTCAGAAA
GGATGAAAATCTCAAAGT
CTGTTGCCAAACTCCA
ATAAGGCAGATAAGGC
CATCAATGCTTGATG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

AAATAATTGATTATGTGAAATTCTTCAGCTTCAGGTCAAGGTATTGAGCATGAGCAGGCTAGGAG
 CTCCTGGAGCAGTTCTCCCTCTTAGGAATCTCAAACCGAGTGCCATAGTAATCCATCTCTAT
 CAGCTTCAACCATTACAAGGGCCACCAGACATGCCAGACTCAGAAGACAGCTCTGCCTTGAGC
 AAGAGGTAGTGAAGCTGATGGAAACGAGCATCATCAGCGCAGTCAGTATCTCAGAACAAAGGGC
 TCTGCCTGATGCCATTGCTCTGCCATATCCAACCAGAAAGGCATGGCTGCTGCTGCTG
 CAATCCCTCCTGAAAAATGAAAAAAATGAAATCGAAAAAAATGGGGGAACAACGTGAGAAG
 ACATAATAACTCAACGGCTGCAGAAATGTGCTGGACACTGCAGGTTTGATGAATGAAGTGAATCC
 AATCCAGGGGTCAAAAACATAGGAAGTTATCTGACTAATTCAAGGCTTATGACACAATCTACTCT
 ATAGTCTATAGCTATTGTGCTGCTTGCACATCAGTGTGATGTGATTCTTTGTTTTGTAT
 TGCATCCGGATGCTAATTAGGTAGTAGTGTCTTGTACATGAGTATTATCTATGCGGTT
 TATCTAATGTGCATATAAGTAAAATCTGGTATGTTGCTGCTA

SEQ ID NO: 366, O. sativa Os09g25040

ATGGCTGCGCGGGCGGGCGGGCAGATCTCCCTGGACGACCTCCGAAACGGCGCGGGTCGCC
 GCCAATGCCGGCGGCCGGCGCGTCCACGACTTCTCGACCAAGATGCTCAGCAGCCTGCC
 CCCTCGGCGTGGCCCACCTCGCCGCCGGAAAGCGGCCAGGACGACGCCAGGGGATGCATCAC
 CACCAACCACAGCAGCAGCAGCAGTTGGTGGGCCGTACGACGAGTCGGCGATGCTGGCGTCGCG
 CTCCGGCAGCACAGATCAGCGCGGCCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGACACATGATGCTCCAGGGCTTGGGGGA
 ATGGTGTGAGCAGCTCGCGATCTGAGGGCAGGGCACACATGATGCTCCAGGGCTTGGGGGA
 CGGTGCGGGGGGGGGCGGGCGGGCGGGCGACGGGGCTTCCTCCCTCCGCTCACCCCG
 AGCGCGGAGTGGCGGCGACGTGCAAGCGTTGCTCAAGGCCGCCGCCCCAATCCGCCAGGA
 GGAGACGCCGGCGCGCTACGGCGGGATTGCGCCGCTCGCTCATCAACAGCAGCAACATT
 CAGCCACATCCACAGACGGCGCCGACGATTCGACGAGGCTTCGGCGGGCGGGCGGAGGA
 GGAGGAGGAACCGCTCAGCGGGGGCGCGCAGGCTCAGGCCGGCGGGCTGGAGGAGGCG
 CCGGCCGCCGCCGGCAGCGGGTGCGGGCACGGCAGGGCAGGCCACGCCAGCATGCC
 GAGCGGCTCGGAGGGAGAGGATGCCGAGGGATGAAGGCACTGCAAGAACTGTTCCCAACGCC
 AACAAAGTTGATGCAGACGGACAAGGCTTCCATGCTGGACGAGATCATGACTACGTCAAGTTCTA
 CAACTCCAAGTCAGGCAAGCACGTACACTAAATTACTAATACATGTTGAGCATGAGCCGGTTA
 GGTGGCGCGCAGCGCTCGCGCCATCTGCGGAGCGATGGCTGACGGTACGGAGCAGCAGGTGGCC
 CGAACGGCGAGCACCGGCCGGCGGGAGCGATGGCTGACGGTACGGAGCAGCAGGTGGCC
 AAGCTGATGGAGGAGGACATGGCACCGCCATGCACTGCACTGGCAAGGGGAGGCTCTGCCCTCATG
 CCGATCTCCCTCGCGTCCGCCATCTCTCGCGACGTGCCATCTCCGCCGCCGGTGGTCGCCGCC
 GCGCAGCAGTCCCGGCCGGCTGGCGCCGCGCAGGCCACACCACCAACTGAGCG
 GCGCGGGCGGCCATGCGGGACACCTGCCGGCTGAACGCCACGGCTCCGTGCCGCC
 TCGCGAGCATGCGCTCACGGCGCAGTCGGCATGGCAACGCCACGGCGGGGCCGCC
 GGCGAGGGGTCGAGCTAAGGACGCCCTCCGCTCAAGCG

SEQ ID NO: 367, O. sativa Os07g08440

ATGAGGGCCCTGCAAGGACTTGGTCCCCAACACAAAGACAGACAGGGCAGCTATGCTAGACGAA
 ATCTTGATTATGTGAAAGTTCTCGGCTCAAGTAAAGGTTCTGAGTATGAGCAGGCTGGGTGG
 GCTGGTGCAGTTGCGCAGCTGGTGCTGATATTCCAATCTCAGTTAAGGGGAGGCAAGTGAAGCT
 GGGAGCAAACACAGATTGGAAAAGTGGCAACCGATGGCACAGAAAAGCAGGTAGCGAAGCTG
 ATGGAAGAAGACATCGGAGCAGCAATGCAATTCTCCAATCCAAGACACTATGCATGATGCCAATC
 AACACTCCTCATAG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 368, *P. abies* DV982110

CACAGGAGGCAGCTGTAAACGGCAGCGACGGAGGAATGCTTCCCTTCAGCTTGTCAGGC
 TGGAAAGTCCGGCAGACATGAACGAGCCCCGATCGCGGGAAAGAAATTGAAGCTCTTCAGTCGGT
 AAATAATGCCGAGATTGCAACCTCGGAGGGCTATTCCAGCCGTTGCCGTATCACCGCGGGCGT
 TCGACCGACCGGTAAAACCTCATGCGCAGCCCCGACAAGTGCATTGCAAGGGTATGGTGAAT
 GCCCCAACCTCAGCATCAGAATCCACCTCCGACCGGAGTTGGTGCCTGACCCACTGTCACCTAG
 AGTAAGGGCACGCCGTGGACAGGCTACAGATCCCCACAGTATTGCAAGCATTGCGTAGGGAGAG
 GATTGCAGAGAGAATGAAGGCTCTGAAGAACTGGTCTTAATTCCAATAAGACGGATAAGGCTTC
 TATGCTGGATGAAATAATTGATTACGTCAAGTCTCAGCTGCAAGTGAAGGTTCTAACGATGAG
 TCGACTGGGAGGTGCAGGAGCAGTTGCTCCCCTGTGGCTGATATACCTGCTGAGGGTGCCAACGC
 CCCACAAGGCACAAGAACCAACGGTAGCCAGAACTCTCTCCGGACGGTCTAGCATTAAACAGAACG
 CCAAGTAGCAAAGCTAATGGAAGAAGACATGGGACGCCATGCAGTATCTCAGGGAAAAGGTCT
 CTGTCGATGCCTATATCTCTGCCCTGCCATTAAACTCCGGTCGAGACCCCAGGCTCCTTC
 CACCCCTCTCNCNNNNNGACTATTGCATCTAATGTTAACGACAGGCAGGTACTGAAACCCCTCTN
 NNNNTCGCACTATCTNNNNNNNNCTNNNNNNNATGACATACAGCCATCCATC

SEQ ID NO: 369, *P. deltoides* TA3263

ATTACGGCCGGGGGTACTCCTCACTAGTCACTGGCTACCTGTGTCGTATTAGAAAGCAAACCAA
 AGCAAAGCGAAAGCTGAAACCTTGAAGCGGAAGTACTTAGCTATAAGAAAAAGAGAAAAAGAA
 AGAAAGAAGAAGGTAAACCAACAGTCCTTAACCTCTCAATTAAACGATTTCGATGTAATTGA
 TGCTATTGTATCCCAACTCTCTATCTCACTCACTCGACTCTCCGAGTCCAGGAAATCTCGGGATGCCTAACCTT
 GCCAATAATCCAACCGAACCTCCAGCCGACGATTTCTCCAGGAAATCTCGGGATGCCTAACCTT
 GCTTCGGCTGAAGCGGGTTGGTTGGAGCCGATGCTGCCCTGGCTGGCGCCGCTGCTCAAGCT
 TCTATGATGCTTCAGCTTAGCTGGTGATGGTCCGCCACATCTCGACCTGGCGGTGCTCCT
 GGAGGAGGAAGCGCCGGTTTCACGGCTTCCCTGGGCTTAGCTTGGAGCAAGGGAAAGGGAGGG
 TTTCTGAAGCCGAGGAGGCGTCTGGAGTGGAAAAAGGTTCCGTATGAGATTGTTGATGGT
 GCGAAAAATGTTTTCATGGTCAACCAATGCCGACAACGGTTGCTATAGCACCGCATCCACCAGCA
 ATGCGCCCAAGGGTACGGGCTAGACGAGGTCAAGCCACAGATCCACACAGTATTGCTGAACGGTTG
 CGCAGAGAAAGAATGCCGAAAGAATCAGGGCATTGCAAGGAGCTGTTCTAGTGTCAACAAGACG
 GATCGAGGCCACCATGCTTGATGAAATTGTGGATTATGTGAAGTCTTAAAGGCTCAAGTAAAGGTA
 TTAAGCATGAGTAGACTGGCGGAGCTGGTCTGTCGACCCACTTGTAAACAGACATCCCACATCA
 TCAGTTGAGGATGAAACTGGCGAAGGAGGAAGAACCCAGCCAGCTGGGAGAAGTGGTCGAATGAT
 GGCACACTGAACGGCAGGTAGCTAACGTAATGGAGGAATGTTGGCGCTGCCATGCAATTCTCAA
 TCGAAGGCTTTGCATCATGCCCATCTCACTAGCGACGCCATTACCATACACAACCACAGAT
 ACCACTAGATTGTCAGCCAGAAACAAATCCCAATCATAGAACCGTTGAAAGGTGGGGAGCAT
 CCCATGGTCTGTCTAAAGAGTAAAGTCAAATGCTTAGGGTCCACGTCTATTGTCACGTT
 CACCCCCACAAT

SEQ ID NO: 370, *P. radiata* WO2005001050 seqID516

GTTGCAAAGCAATACCCAGAAATTATTCAACATGTCATTGCTGCCCTCCGGATAGGAGGCCAGGG
 CTTGAACTCTCAGGAGAACGACCCGTATCGTACGACGATTCCAGTCCCTAGCTAACAGGCTAAG
 GCAGCATCAACTGAGCGTAATTCTCGATGAATCAGACGCCAAACCAGGCCCTGCAAGGGATTAA
 TGAAACCAATACGTCCTCGGGCGATCCATGGTTTGCAAGCTAACGACAGGAAGTGCAGCGCTTC
 ACAGCTGCTGGCCTCCATGGGAAATTGCGCTCGCGCACCGCGGTAATGACGCAAGTCGCCAGTAC
 AGGAGGCAGCTGTAATGGCAGCGACGGAGGAATGCTTCTCTCAGTCTCGGCCAGGCCGG
 TAAATCAGGGCACATCAACGAGTCCCGCTCGGGATGAAATTGAAGCTTCTCAAGTGGCAA
 TCATGCCCGAGATTGCAACCTCGGAGGGCTATTCCGCCGTTGCCGATCACCAACGGGGCGTTCG
 ACCGACAGGCCAAACCTCCATACGCAAGTCCGGACAAGTGCACAGTGTATGGTGGAAATGCC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

CCAAACCTCAGCATCAGAATCCATCTCGACCGGAGTTGGTGTGCACCACCTGTCGACCTCGAGT
 AAGGGCAGCGCTGGACAGGCTACAGATCCCCACAGTATTGAGAAAGATTGCGTCGGGAGAGGAT
 TGCAAGAGAGAATGAAGGCTCTGCAAGAAGACTGGTCTTAATTCCAATAAGACGGATAAGGCTTCGAT
 GCTGGATGAGATAATTGATTACGTCAAGTCTCTCAGCTGCAAGTTAAGGTTCTAACGCATGAGTCG
 ACTGGGAGGTGCAGGAGCAGTTGCTCCCTGTGGCTGATATAACCTGCTGAGGGTGCCAAACGCC
 ACAAGGTACAAGAACCAACAGTAGCCAGAAGCTCTTCAGACGGCTAGCATTAACAGAACGCC
 AGTAGCAAAGCTAATGGAGGAAGAGCATGGGATCAGGCATGAGTATCTTCAGGCAAAGGCTCTG
 TCTGATGCCATATCTGGCCTCAGCCATTAAATAACTCCGGTGCAGACAGGCAACTCC
 CCCTCTCTCAAGGGTATTGCCACCTAACGACAGGAGATACTGAAACCCAGGCACCATCCAC
 GGCACCTCTGCCCTCACGTCCACCTCCATGACCATAACAGTCTTCATCAGCTGCCCTGGGAGCGG
 AATAACGGAGCAAGGTGATAATGCACACAGGAGTGAACGGAACAAGGAATCAAAGGATTCCAG
 AGAAGCCAATTCCGTTACGAAGTCAACGGGATAGGAGGCCAGCTTTCCAAGAACGCCGTTAA
 AGGAGAGGAGCAACCTAAAGGAGGACGGGCCAGTAAACAGCACCACCTGCTAACGGAAACTGTA
 CCATACTTCTATTAAACGCCAGATTGATGAAATTGTTCAAGCATAAGAAATTACTTTACATGC
 TTCAACAATTCTAAATAGTCGTAGTCGAGTCGCTATGGAGAGCATTCACTAAAA
 ATCCCAAAACACACTCAAATTTCCTTCTCTGAAGTTGGTTATTGATGAAATGGGT
 AAAAGAATCGAGCAAGTCTATCAAATAAGGCACGCGCCCCACTTGATGATGCCATTAAATA
 GACTTGCATAAATATGACATTATGATGGTGAACCGCAGCTTGTAAACTACGTAAGTTAT
 ATCTTAAGTTGGATAATAATTATTGCTCATGTCAGCTACACTACGAAATTCTGTTATTAAAAA
 AAAAA

SEQ ID NO: 371, P. sitchensis TA14134

CAGGTAAAAAGAAAATTCTTTGATTGGAATAAAATTACACAAATGTGTGAAATTCCAAAAC
 TCTCACGGTAAACGTTTGAATGTAACATTGACTGATGGGAAGGATGTGAATAATTAAAC
 CTTCCCACACTAAAACCCACTTGATCTTATATGCTTAATACTAATCCGGAAAGCTCTAAAC
 AAGATTGTACAATTGAATCTCATACTCGAATAAAACAACATTCTGGTTAAACAAAAATCGAG
 AAAAGACGGACGGCCATGTTACAACCACGGCAGTTCTCCTCTGGTTCTGGTAGAAAGTGGC
 AATTATTATGCTATTGAGAGAACTAAGATTGCAACAAACAGCTAGTTATTGAGCTGGGAGA
 TTTCAGTTAAAGATGACAGGCAAATCAACATTGCAAAACTCCATAAGAGATGGCTCTAAC
 ACGTCTTTTCTGATGAGGCCACCACTGATCTTCCATATATTGAGAATCCTGAGTTAGAC
 AACCTTTTTGGCCTCGGATATCTCCCTATTCTCTCTGAGTTGGCAAGCTAGATATTAT
 CCCAAATTCTGCTCCATTGACTCAGCGGTGGAACTAATTCTCTCTCTCTGTTCAACTGTGTT
 TTCTCTTAAAGGAAATCACTGCCAAATCCAGCAGATCCATTGAGGACCTGAGCAACTATC
 GACAGTTAAATGAAGCAGGCTGATTGCTGAGCTTCCAGTTGACTGATAGCAGTTGCCAGT
 GCAATTGCTTCAAGGAAACAGTGGCTTCCAGTCAACTGATAGCAGTTGCCAGTGC
 AACATTTGCTGAAGGCTAGACCATCTGCGATAGTGAGCCGCCAGCTTGACCCAGAGCC
 TGCCAGGCTGCCAGATCCCTCAGCTGGAACATCAGCAATTAGAGGCCAAGTGCCTGC
 ACCACCAGCTACTCATACTCAAACCTTACTTGCAAGTTGAGAAATTGACATAGTC
 ATGATTTCATCAGCATGGACGCTTGCTGTCTTATTAGCGTTGGAACAGCTCTGCAAGG
 ATTTCAGGTTCCAGTAAAGATACTGCAACAGGCTTCCACTGCTATACTGTGTTGAGT
 CAGTTGACTACAAACTAA TAGCTCCTTCAAAAGATACTGGTGTGTTGAGGCT
 ATTATTTGAGCCTGGCCTTCAAGTTGGACTCATATGACTTGACGGTGTACTGACATTG
 GACTCTTGAGGCTCGCTTGAAGTGTGCTCCATAGAATCACCAGGCAAGCAATTG
 GTGGTCTCCAGCAGGTTGAGATGATGTCAGGCTCCACTGCAAAACAATTGCT
 ATTGATGAAATTGCAATTGCTATGAAAGATGATGATGATGATGATGATG
 AAAAATGTCATCCATTACAGAACTCAAGAGCTCCACTGCAAAACAATTGCT
 ATTGCAATTGCTATGAAAGCAGCCTAGTGAAGTGGTCTTCAGTGCCTCA

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

AAAATCCAAAATCAGGCTTCCCCTCAGCACCTACATTAACCGTAGCAGCAGCCATGTCCGCCTA
AAAAATAGCAGAATTAAACCAAAAGAACGATTCTCCGTTCAATTAGCCTCTTAATGTCGCG
GCTTGGCAAAACTGCAACCAACATGTGCCGATTGAACGTTAACAGGAGAGCAGAGCAGC
CACATTAGCATAACGTTATCAGAATTCA

SEQ ID NO: 372, P. taeda TC68930

TTTGGGCAAAGGTCTACTCTGAAGACAAAATGCTAGCCAGAGAAAATAGATCTGGAGATACTGA
GCATGATGATCTTCAAGGGACCCCTTTGACATCTTACAGGACCACAAGGAGGTAGACAGTGCT
ACCTAGAACCTCCAGGGCACAATCCCATCAACAGAACATCTAGCACACAAAATACATCAGGTGA
AGGAACCTCTCTACAGCAGTATGAAACCATTCAGCTGTTCTCAGCTGCAGTCTGGGCTGGTGG
TGGCAATGCTGCAAATGGAGCTGCAAGGCCACGTGTCAGGGCACGTCAGGTCAGCTAACGCTACCGATCC
ACACAGTATTGCTGAGCGGCTCGCAGGGAGGAGATTGAGAAAGGATGAAATCTTACAAGAACT
TGTTCCAACACTCTAACAGACAGAACATCCATGCTGATGAGATCATAGAGTATGTCAGTT
TTTGCAGCTGCAAGTGAAGGTTTGAGCATGAGTAGGCTGGGGTGCTGGTGCAGTTGCACCTCT
GATTGCTGATGTTCCATCTCAGGGATCAGGGTGTGTCATGTCAACAGCCTGGCCAAGCAAGTGG
GCCCTTGACTCTGTCACAGGATGGCTTGACAGGAAGTTGCAAGACTCATGGAATCGAA
CATGACCTCAGCTATGCAATATTACAAAATAAGGACTTGTGATGTCATTGCACTTGCAAC
AGCTATATCAAGTTCAAGTGGAAAGCCTGACTGGCTACTGTGCCAGGAACAGGTGTTGATAGTAG
TGAGAAGCAAATTCTGACATGCAATCATTGCTTACCTTTAGTAGCAGTTCAACAACCAGGG
ACTCAGAGCTACTGCATCTGGCAGTGACGCCCTATAATGAGAATCAATAAAAGCTAGCAT
AGAAAAAGTTGTCAGGAAATCAAATGGCATTTCACCTGGCTATCATCTGATGTCAGG
TGGATCACAGAGCAGGGAGAAACTCTGAAAGCGAGCACATGATTCTATCTGCAAGTGTGCTGA
TTTGGTATTCAAGGAGTGGCTGACATGCTAAGGGTGGTGGAGATTCTAGTACGCAATT
TAACAGATAGGTATATACCACTGATTATGGTCACACATCTGGGATCGTGTGAGATTCAATAGG
AGCAAAATGTGTAATGATAAGTGAACCCCTGTTTAATGAGAAATATTGGTGGAACTCTGGT
GCAAGGTTGCCAACCTTTTATTTCACTTCTTTAGGCAAAATTAAAGGTTACCAAGTATT
TCTAACTTGAACATGACTGGTGTGACCATACTAGGGTCTGCTACTGAGATACCAAGATGGCTCA
GGCATCCATTTCCTGTTCCCTAGTTGTGGATAAGTGGATATTATCAAACATTAA
ACAATTGGATGATCTATTCAATTGCTTCAACAAATGTAATGCAATGTTCTCAATACCAAGG
TAAGTATTACCACTGGGTGTTCTGTT

SEQ ID NO: 373, P. trichocarpa scaff II. 416

TCACTTTGACTCCTCCCAGACCTACTCCAAATGGCCAATAACCCAAACCGAACCTCCACCAGATGAT
TTCCCTGCAGGAAATTCTGGGATGCTAATTGCTTCAGCTGAAGCTGGCTGGGTGGAGCTGAC
GCTGGCTTGGCTGGCACTGCTCTGTCAGCTCTATGATGCTTCAGCTTAGCTCCGGTGTGATGGT
TCCGGCCACATCTCGCACTCGGCCGTGCTCTGGAGGCCGGAGGCGCGGGATTTCACGGGTTCCG
CTGGGGCTTAGCTGGAGCAGGGAGGGAGGGTTCTGAAAGCCCAGGGAGGCGTCCGGGAGTGGG
AATCGGTTCCGTGATGATATTGTTGATGGTAGAGTTAGAAATGTTTTCATGGTCAACCAATGCC
ACAACAGTCACTGCAGCTACACATCCACCAAGCAATGCGCCAAGGGTACGGGCTAGGCAGGCCAG
GCCACAGATCCTCACAGTATTGCTGAACGGTTGCGCAGAGAAAGAATAGCCGAAAGAATCAGGGCA
TTGCAGGAGCTGGTCTCTAGCGTGAACAAGACGGATCGAGGCCATGCTGATGAAATTGTTG
TATGTGAAGTTTTAAGGCTCAAGTAAAGATATTAAAGCATGAGTAGACTGGGCGGAGCTGGT
GTTGCGCCACTTGTAAACGGACATCCACTATCACCAAGTTGAGGATGAAACTGGCGAAGGCAG
AACCAACTGGCGTGGGAGAAGTGGTCAAATGATGGCACTGAAAGACAGGTAGCTAAGCTAATGGAG
GAAAATGTTGGTGTGCTGCATGCAGTTCTCCATCAAAGGCTTTGCTCATGCCCCATCACACTA
GCCACTGCAATTACACACACAAACCACCAAGATACCAACTATTGTGAAACCAGAAACTAACCC
CCGTCAAGAACCGTGGAAAGGGGGAGCATCCCGCGTCCGTTAAAAGTCACCAATGCTTAG
GGTCCCACCTCTTATTGCTCCG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 374, P. trichocarpa scaff 70. 65

AGTAGTATTTGTGTCATATATTGCATGCATGGCAGGAAATCCCCCACCTGAAGGGTTAGGAGAT
 GATTTCTTGAGCAGATCTGGCAGGGCAGCCACCTGGTTATGGTGGTGAAGGCTGTGGGTCCACC
 AGCCTGCCCATGATGGGTTGCAGTTAGGGCTAGTGCCTAATGTTGGATTAACTGGAGCATCATGGTTTAAGGCAA
 GCTAATAATAATATGGAATGATGCCTTAGGGTTAACCTGGAGCATCATGGTTTAAGGCAA
 CAACAAGATGATGGCAGTAGTCTTAGATAACCAACAACAGCAATAATATCAATATGCTTCCT
 TTTCTATCACTCTGCTGGATTCTGGGAGAGATTCTGTACACATGACTAGCTTGTCCAACG
 TTTGGACAAATTGCGAGATTCAATTCAATCCGGTCTGACCAACACCACCTGGACCCACTCAGATT
 CACCAGTTAATAGCCAGCCAACATCAGGAGCAGTTCACTGCTGACCAACACCACCTGGCATTGGA
 CCAAGGGTGCAGCAAGACGGGCAAGCTACAGATCCGACAGTATTGCTGAGAGGTTGCGAAGA
 GTAAGAACATCAGGAGGGTGAAGGCAGTGAGGAATTGGTCCCACCTGCAACAAGACAGATAGG
 GCAGCCATGCTGGATGAAATTGGATTATGTGAAGTTCTTAGACTCCAAGTCAGGTTTGAGT
 ATGAGCAGACTCGGTGCGGCGCTGTGGCTCAGCTGTAGCTGATGTACACTGTCATCAGTT
 CAGGGAGAAGGCATTGAAGGAGGGCAATCAGCAAGCTGGAGAATTGGTCAAACGATGGCACT
 GAACAGGAAGTAGCTAAGTTGATGGAAGAAGATGTTGGAGCTGCCATGCGAGCTCCTCAGTCCAAG
 GCACTCTGCATCATGCCGTATCACTTGCTTCAGCAACTTCCGAGCACGCCACCGAATGCTCCA
 ACACGGTCAAGCCCCATCGAACCCCCCCTCATAAACCTAAGCAAGAACGTGCAAGTTGCATA
 CACATCGATCATTCCAGGGGCATCTGTTCCAAATTAAAAACTGCTCT

SEQ ID NO: 375, P. trichocarpa scaff XIII. 403

GTAGTATTTGGTGTCAATATATTGCATGCATGGCAGGAAATCCTCACCTGAAGGGTTGGGAGAT
 GATTTCTCGAGCAGATCTGGCAGCGCAGCCACCTGGTTACGGTGGTGGGGAGGTTATGGGG
 TCCACTAGGCTGCCCATGATGGGCTGCAGTTAGGGCTTGTGCTGGAATGTTGGATTACTGAGG
 AGTAATGCTAATAATAACATGGAATGATGCCTTAGGGCTGAACCTGGAGCATCATGGTTTTTA
 AGGCAACAGCAAGATGATAGTGGTAGTTCTTAGATAACCAACAACAGCAATAATATCAATAACACT
 CCTCCTCTATAAAATCTGCTGAATCTTGGGAGAGATTGGTGCACATGACAAGCTTGTCTTCA
 ACATTGGACATCTGAGATTCAATTCAATCCGGCTACACCACCTCTGGACCACTCCTCAA
 ATTCAACCAGATTAAATAGCCATCCAAACCCAGGAGCAGTTCACTGCTGACCAACCCGCTGGCATA
 CGGCGAAGGGTGCAGCAAGACGGGCAAGCCACGGATCCACACAGTATTGCTGAGAGGCTGCGA
 AGAGTAAGAACATCGGGAGGGTGAAGGGCTGCAAGAATTGGTCCCACCTGCAACAAGACAGAT
 AGGGCAGCCATGCTGTGAAATTGGACTATGTGAAGTTCTAAAGACTCCAAATCAAGGTTCTG
 AGCATGAGCAGACTAGGTGCAAGCAGCGCTGTGGCTCAGCTGTGAGCTGATCATCA
 GTTCAGATTAAAGGGAGGGCAATGAAGGAGGGCAATCAGCAACTTGGGAAAATTGGTCAAAT
 GATGACACTGAACAAGAGTAGCTAAGTTAATGGAAGAAGACGTTGAGCTGCCATGCAATTCTT
 CAGTCGAAGGCACTCTGCATCATGCCCATATCACTTGCTTCAGCAATCTCCGAGCACGCCACCT
 AACGCATCAACACTCATCAACACCGAATCGAACACCCCTCATAAACCTAAGCAAGAAAGTGCATA
 CTTCGTGTGCTCGTCGATCATTCCAGCAGGCATCTGGTCCAAATTGGTCTGT

SEQ ID NO: 376, P. trichocarpa scaf2f8. 86

CAAGACGACAAAAAAATTCACTGTAAGCATGATAAGTCAAATCAAAGTGTGGAGTCCTGGCC
 ACTCAAGACACTTCATCTGAGTTCTGGCAGTGAGTCAGATTATGCTGTTGATAAAAGTCTTAATT
 TCTGAAACAGCTCGATTGCAAAATGATTGCCAGAATTGCAATGAAACCCCTCCCTGATGGAATG
 GCACGTGGAAACTTAAATTGGAAACACAGGCCCTGCAATGCAATGGAATTCTCCTACCCCTGAGT
 TCTCTGAACATCCAATCAGCTTCAATAGTTGGTGAATTGACATCGTATCTCTCTTTCTGAG
 GCAAGCAATGCTGGATGCAATGGAAGGGAAACATCTGAGTACCTGAGATCCTTAAAAAAATCTGCAA
 AACTTATCATCAATCCCAAAATTGGCCTTCACAATCTTATGAGGGTTCTCTCTCCCT
 TTGATGGGACAAGACAGAATAGAGGGATCTGGTCTCGAGGAGGGAACTTGGATGATGATGCA
 ATTATGGGAAGGGATACATGGCATGGATGAAATTCTCCGACTTGTGATAAGTTATGCACTCACCT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

ACTACAGAGGGAAAGAAGATTCGAAAGTTGCCTTCTCATCTGGCATAGCTGAGCCCAATGTA
 AACATGTCAATGAATCAATTATCATCTATGCCCTCAGACTACATCAGCTGCCAGTAGAAGGCTGC
 AATGAACTGGAAAAACTCGTGAAGAGCACGACGTGGCCATGCCACTGACCCACATAGTATAGCT
 GAAAGGCTCGAAGAGAGAAAATTGCTGAAGGATGAAGAATCTGCAAGAACCTGTACCTAATTCC
 ATAAGGTTGACAAGGCATCTATGCTTGATGAGATCATAGAGTATGCAAATTCTCAGCTCCAA
 GTCAAGGTGCTAACGATGAGCAGGTTAGGGCAGCCGGAGCAGTCATTCTCTCAGATGGT
 CAACCTGAGGGTCATAATAGTTGCGCTCTCCATCAGCTGGCTAGGAATTGATATTCTCCA
 TCTGCTGATCAGATTGCCCTTGAGCAAGAAGTACTTAAGCTACTGGAAATCCGATGTGACCATGGCC
 ATGCAATATCTCAAAGCAAAAGGCTCTGCCATGCCATTGCTTGCTGCCATATCCAGT
 GTTAAGGCATCGTTACAGGTACAACCTGTGAGGAGAGGAAGAACATGGCTACACCAGTGGTCTT
 GTTAGCAGCAGCAGCATAACTGGCATTGACACCCATCCAATGTCATGATAACAATTGCA
 ACCGGTACACTTAGCAGCAAAGGCATGATTGCAATGGCTGCAATGAGGTTGTCAAGCAAGAAGTG
 CTGAAGAACACTTGATGCATTCTAGAGCACGGAAAGTAAAGATGTAATTTCATTAGATGG
 GGTTTCATTTCAGCTGAGGAGATAA

SEQ ID NO: 377, P. trichocarpa TC63334

GGGTCTCTCCGCTCTCAGTACTCCTCACTAGTCACTGGCTACCTGTGCTAGTATTAGAAAGCAAAC
 CAAAGCAAAGCAGAAAGCTGAAACCTGAAAGCCGAAGTACTTAGCTATAAAGAAAAAGAGGAAAA
 AGAAAGAAAAGAAGGTAACCAAACAGTCCTTAACCCCTCAATTAAAACGATTTGCATGAAA
 TTGATGCTATTTGTATCCCCAACCGTCAACTCAGTCCTCGACTCCTCCGAGTCCAACCTCA
 AATGGCCAATAATCCAACCGAACCTCCAACCGACGATTTCTCCAGGAAATCCTCGGGATGCCAA
 CTTGCTTCGGCTGAAGCCGGTTGGTGGAGCCGATGCTGGCTGGCGCTGGCTGCT
 AGCTTCTATGATGCTGAGCTTAGCTCCGGTATGGTCCGGCACATCTCCGACCTTGGCGGTGC
 TCCGGAGGAGGAAGCCGGGGTTTACGGCTTGGGCTTAGCTGGAGCAAGGGAGGG
 AGGGTTTCTGAAGCCCGAGGAGGCGCTGGGAGTGGAAAAGGTTCCGTGATGAGATTGTTGATGG
 CAGAGCGAAAATGTTTCAATGGTCAACCAATGCCAACCGTTGCTATAGCACCGCATCCACC
 AGCAATGCGCCAACGGGTACGGGCTAGACGAGGTCAAGCCACAGATCCACACAGTATTGCTGAACG
 GTTGGCGAGAGAAAAGAATAGCGAAAGAATCAGGGCATTGCAAGGAGCTGGTTCTAGTGTACCAA
 GACGGATCGAGCCACCATGCTGAAATCGGATTATGTGAAGTTTAAGGCTTCAGTAAA
 GGTATTAAGCATGAGTAGACTGGGGAGCTGGTGTGTCGCACCACCTGTAACAGACATCCCAC
 ATCATCAGTTGAGGATGAAACTGGCAAGGGAGGAAGAACCAACCAGCTGGGAGAAGTGGTCGA
 TGATGGCACTGAACGGCAGGTAGCTAAGCTAATGGAGAAAATGTTGGCGCTGCATGCAATTCT
 TCAATCGAAGGCTTTGCATCATGCCACTCACTAGCCACGCCATTACACACCA
 AGATACCAACTACTATTGCAAGCCAGAAACAAATCCCCATCATAGAACCGTTGAAAGGGGGGG
 GCATCCCCTGGCTCTGCTAAAGAGTAAAGTCACCAATGCTAGGGTCCCACGTCTTATTGTC
 ACGTTTCAACCCCCAACAAATGTTCCCTAGTTCAATGCAATCAAAGTCAGATGCCATAG
 TTCTGGCTTTGCCTTCTTCCAGCCCTTTTTTCAACGGGGTTGATGTCATGCCAA
 AAAATGCAAGGCAGGCCCTGGTGTCTGCCAAGTCAAGTGGAAAATGATGCAAGCGCTTTGTAATGG
 GCTCTAATTTCGTAGGGTTGTTGACCTGTAAAAGAGGCAAGACTGACGGTTATATAAAT
 ATATCATTATTGTAATAGTGTATTAGCTGAAATGCAAGGAGTAAATTGAAATAATGGCTGG
 TTGTTCAATATGCTGGTGTGTTCAAGTCAACAGAAAATGATAGCAGTGCTACTTGTTC

SEQ ID NO: 378, P. trifoliata TA5414

CTCTCTCTCTTCCCTGTTCTCACCTATTAGTATTAAACATCCATCAGAAGAACGGTTCCATT
 CTCTGAAAGAAATTCTGACTCTCAAATTAAATTCCATATATCATAAAAGACTGTTCTCAAGA
 AATTAAGATGCAGCCTTGCAAGCAGCGGGCGGTGAAATGCAAGGAATCAGCTCGCTTGTGAGCAACGG
 AAGCCACGAGCAGTCGAGATCCATCAAAGCGCAGCTTGTCAACTTCGCAAGACGACTT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

CTTAGAGCAAATGCTATCCCTCTCCCCTCGTGTCTGGACTGACTTGAAGTCCTCTGGGGGT
 TGTTGACCTAACCTAATAACAATAATAATAATAACAAACAGCAGCCCAGAGACTTATCTGA
 CGAACGGCCCGTCCACTACTCAAGAGATAATGTCCCTGCAGGGTTCAAGTCAGTGAGTCCAT
 GATCTTAGCTTCAAGATGAGACAGCATCAGATCAGCAGGAATACTGGGAGTGGAAATAATAATT
 TGCTGCAGCAAAGTTATGATGCAGCAGCAGCAACAAACAAATCATGATGGCTGCTGCTAGAGG
 TGGCATCGGGTTGCCCTTATCACTTGGAAATGGTGGGATAACGACATCGTTGATGCCCTCATCATT
 CAAGTCCAACAGGGAGGAGATGGCTCAGTCAAGCACTCTACAATGGCTCACTGGATTTGCA
 TGGCTCAACCCAGCCTAACATTTCATCATCTTCAGGGAGGATCGATGCCCGGGCAGACCTTGG
 GGCACCAGGGCCGGTGTGAACCAGACGCAAGCTCAGGAAGTGGGCAACCGGGTGGTGGAAA
 CACACCCGCTCAGCAGCCTAACAAAGGGTTAGGGCTAGGAGAGGTCAGCTACTGACCCCTCACAG
 CATAGCTGAAAGATTGCGCAGAGAGAATTGCAAGAGAAATGCAAGGAACTTGTCCAAAGAACTTGTCC
 CAATGCCAACAAAGACAGATAAGGCTCGATGCTGGATGAGATCATTGACTATGTCAAATTCCCTCCA
 GCTGCAAGTGAAGGCTCTGAGCATGAGTAGATGGGCGGTGCTGCTGTCGACCCCCCTGTTGC
 TGATATGCTCTCAGAGGGGGCAGGAGGGTGATTGTATCCAAGCAAACGGCGGAACCCCTAACGG
 AGCTCAGACGACGTCAGCTAACGACAGCTTAACGTGACCGAACCCAAGTGGCTAAGCTGATGGA
 AGAAGATATGGGTCAGCATGCACTTACAAGGAAAGGGCTTGTCTAATGCCATCTCACT
 TGCAACTGCTATATCGTCTGCCACGTGCACTCTAGGAACCCATCATCAGCACAGCAACAA
 CAATAACAACGGCAATCCCCACCAATCCTTGTTCAGTCAAATGGGAAGGGCCGACCTCACC
 TAGCATGTCAGTGTGACTGTCCAGTCAGCAACTATGGGTAACGGTGGGCTGACGGCTCCGTCAA
 AGATGCTGCTTCCGTTCCAAGCCCTGATCAACGGACGTCGACTGACTTTATGATGAGGCTCGTCC
 AAAGTCTACGAAAATAAGGGTCACTAGATGTTGGACCTCAGCAGCTGTTAGACTTT
 GTGACTGAATCTAACAAAACAAGAAAGCAAGAAAGGCAATCCAAGAACAAAACCTTATT
 TTATGTTTATTATTATTTAATTGCGGGTTAGGTTAGTTAATTACTATTATTAATTTAAAATTT
 AATTCTCTGATGGGATATCCCTCTTTCTTTATTAAATTCTCTGTCATGATTCTTATT
 AATAATTATTTAAAAAGCCTTAATAATTAGATTATAATT

SEQ ID NO: 379, R. communis TA1616

CCCAACGCTGCATTTCAAGGATTCTCTCTACACTACAAGAAACTTGAAGGCCAGTACCCATAAAA
 CCATATACCATCTGGATTCCACAAACCCCTTCCCTGGTTATTGGGCTGTGGATCTGCCACCCAAATT
 CACCAACACTTTCTTCTCGGGTTCCAGTCACTTCAATTCCCCCTTCTCTCTCTCTCTCTCTATT
 TGTCTCTCTAAACATACTCTCTCCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTATT
 CATCAAAAAGGAAAAGCATTACCATATTTTACACTCTAAACATCAAACCTTATCACTAATAC
 TACGACTGCTACTGCTACTCTAAACACTTTGAATATTATTGATGGCAGGAAATCCCCCACC
 TGAGGGATTAGGAGATGATTCTTGAGCAGATCTGGCAGTGCAGCCAGGGTATGGAGGCGGTGA
 TGGTGGTGGCGGTGGAGACGTGGGGTCCACCATGCCTATGATGGGCTACAGTTGGGCTG
 CAGTAGTGGTGGTGGGATTGAGAACTAATAATGGGATGATGCCCTTAGGGTAAACTTACA
 GTTCTTGAGGCAACAAGAAGATGGTAGTGGCTTATGAGATAACAAACACCATAACAAACAA
 TAATAATGTTCATCTCTACAACCTCTGTATCAATGATAGAGATTCTGTTCATGGCGAGTT
 GTTCCCACAGTTGGCAGTGCACACCCAGCAGCTCCGGCTCCACACCACCTCACCTCCACCA
 GCCATTTCATGGTCAGCCAACACCAGGAGTGTTCTGTCATCACGCCACCTGCCATTGCC
 AAGGGTGGAGCAAGACGAGGACAAGCCACTGATCCTCACAGCATTGCTGAACGGCTGCGTAGAGA
 GAGGATTGAGAGAGAATGAAGGTTGCAGGAGTTGGCTTACAGCCAACAAGACGGACAGGGC
 AGCCATGATTGAGATTGTGGACTATGTTAAGTTCTAAGGCTCAAGTGAAGGTATTGAGCAT
 GAGTAGACTGGGAGCAGCAGGTGCACTGGCTCAGCTTGAGTGTACCGCTAGCATCAGTTGA
 GGGAGAGAGCATTGACGGAGCAGCAGCAAATCAGCAGACTTGGGAGAAGTGGTAAATGATGGTAC
 TGAGCAACAAAGTAGCTAAGTTGATGGAAGAAGACATAGGAGCTGCTATGCAATTCTCCAGTCAA
 GGCACTTGCATCATGCCATATCACTTGCTCAGCAATCTCGAACACACCCCCCTGATGCACC
 ATCAATTATCAAGCCTGAATCAAACACCCCATCATAACCTAACAAAGAAATTAAATCTCCCTTCAC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

GTGCAGATGAATTGCTACCAGCAGACATCTGGGCCCAAGTGCCTGGTATAGTCCCATATAACTCAT
 TCTAACCTCTCATTATAAAATATATATATATAATAAAGAAAACAATATCAGTTGGTCAGCTG
 TTCATTTCTTAGGAGGAGTCATTTCATGTCAGTAAGAAGAACATCAGGGCACTTGATGTTA
 TAATGCTATGGTCAAGGCAAATC AAAATATC AAAAGCTCCATTGATGTGCTCTATTTCTGTT
 ATCTGTGGGGGGTAGTGGAGAATGACCAAAAAATTAATAGATAGTGTAAAGAAACTCTTCGTT
 TCATTTCTTTGGATAGTGGAGTGTAGGGCCATCAAAAAGGGGGTTGATAGGCAGTGTGCATG
 ATGTATTTGAAAATTGTGTGGAGTTGAATCGGATAAATGTAGGTTGTCGTAAATCCATGT
 TGGAAACTCATGCTTGACAAT

SEQ ID NO: 380, R. communis TA2825

CTCCTCTCAGGCCGACTCCTGCAAATGGCAAACAAATCCCACAGAACCTCCAGGCCAGCATTCTC
 CAAGAAATACTGGCCATCCTAACCTCGCTTCGGCTGACCGCAGCCGGCTTGGTGGAGCCGACGGT
 GCCTGGCTACTCCGATGTCAGCTCTGGAGACGGCTCCAAACACATCACTGCCCTA
 GGTGGAGGGGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG
 CAAGGAAAAGGAGGGTTTTAAAGCCTGAGGAAGCTCGGGAAAGTGGAAAGAGGTTCTGATGAC
 GTTGTGATGGCAGAGCTAATACTGTTAAGAACGTTTATGGTCAACCAATGCCACAACTATG
 GCTGCAGCCCCACATCTCCCACAATGCCCCCAGGGTGGGGCTAGACGAGGACAAGCCACAGAT
 CCACACAGATTGCTGAGCGGTTGCGCAGAGAAAGAATAGCTGAAAGAATTAGGGCATTGAGGAG
 CTGGTCTCTAGTGTCAACAAGACAGATAGCTGCCATGTTGATGAAATTGGAATTATGTGAAG
 TTCTAAGGCTCCAAGTGAAGGTATTAAGCATGAGTAGATTGGCGGAGCTGGTCAGTCGACCA
 CTTGTAACGGACATCCCACTATCATCAGTTGAGGATGAAACTGGGGAGGTGGAGAAACCAACCA
 GCATGGGAGAAGTGGTCAACGATGGCACAGAACGACAAGTGGCTAAACTGATGGAAGAAAATGTG
 GGTGCTGCCATGCACTTCTGCAATCAAAGGCTTTCGATCATGCCCATCTCAGTGGCCACAGCA
 ATTTACCATACACAAGCACC GGATACCTCAACTATTGTAACCAAGAACAAATCCCCATCATAG
 ACCGTACAAACGGGTAAGCATCCCCATGGTCCCATCTAAAAGGTGCGCTAAGTGCCTGGGTCCCA
 CATTGGTGTGCCCCGT

SEQ ID NO: 381, S. bicolor TC104646

TACTGGACTTCCCCCTTCCCAGCAGAGCAGAGCACCAACCGCTTGTGCGAGCCGCCGAAGCT
 TCGGGCCCTGACGCGTGGGCCCCGACCGCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCTGCGCCGGCATGGCGGG
 CAGCCGCCGCCGCCGGGGCTCCAGGAGCAGACTTCTCGAGCACTTCTCGCCTCCCTCCGCG
 GCCTCGCCGCCGCCGGGGCACCCGGGGCGGTGCGGGGAGGACACCCCTCCCGCTCGCC
 CTCAGCTCGACGCCCGCCGAGCCCAAGCCGACCGTGCACCCCGTGCAGCTGCCGCCCTCTC
 CCGCCGGTTCGCTGGCGCCGGCGCGTGCAGCAACCGCACCTCCGCCACCCCTCCGAG
 ATGTTCCAGGCGCAGCCAAGCCGGCGAGGGAGGCATGGCGCCGAGCCGCCAGCCCCACGGCC
 AAGGTGCGCGCGCGGGGGCAGGCCACCGATCCCCACAGTATCGGGAGAGGCTAAGGAGAG
 AGAATTGCAAGAAAGGATGAGGGATTGAGGAATTGGTCCCCAACACAAACAGACAGATAGGGCA
 GCTATGCTAGATGAGATCCTGATTACGTGAAGTTCTTAGGCTTCAAGTAAAGGTTTGAGTATG
 AGCAGACTTGGTGGTGCAGTTGCACAGCTGGTCTGATATTCACTCTCAGTTAAGGGT
 GAGGCAAGCGACAGTGGGAGCACACAGCACATGGAAAAGTGGTCAACTGATGGCACAGAAAAG
 CAGGTAGCGAAGCTGATGGAAGAACATCGGGGAGCGATGCACTTCTTCAATCCAAAGCGCTA
 TGCAATGCGGATCTGCTTGCATGGCAATGGCAACTCAGCACCCAAACATTCCAGGATGGCCACTCA
 CTGATGAAGCTGAGCCAACACATCCTCGTAGTATAGTAAACATCAACCCTAGCGTGCATTCAAC
 CCCCTAAACTATTAGGCACCGATATCCAAAAAAAGTGTATGATATACGGAGCGTTCAA
 TGTGCTAACCGTGAGATAGGAAAGGACCTTAAATTGGTATATGATGTAGCCTCCCCCTTCCATT
 TTATTCAAATCAGAGCAG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 382, *S. lycopersicum* AK247217

AGCAAAGCTTAGGTGACTCCCTTCTTATTTCTCATGGCTCTCACTGCTCTTAGAAAGTA
 GCAAAACACACACACAAACAACCCAAAACACACACTTCCATTTCCTTGCCTATATATAT
 ATATATATGTAACAAGTACTTGTAGAGTACTAATTGTCACCCCTTATCAATTCCGTGTA
 AAAGAACACTTTTAACTAGTATTGTCATCTGCTATGGCTAACACCCCTCTGAGGGAC
 AGCTCCGATCCAAGAAAGATTGAATCTTATAGTCTGCTATGGCTAACACCCCTCTGAGGGAC
 CTTCTGATGATTCTTGACCAAATCTTGGGATTTCTGCTTACATGGAGCAGAACCTAATTGG
 CGGGAAATGATGCCGGAGCTATACCGCCGGCGATGCTCCAGCTTAACCTGGTGTGGTCAA
 GTCTAGTTACTGGAGTGGGTCTGGGGTTGGTTAGTGGTGGGGTTCCATGGTCATGGTGGGG
 GTGGTTCTTCTTCTTAGGGTTGAGTTAGAACAAAGGGAAAGGTGGGTTCTGAAGATGGATGATG
 TTTCAGCACCTGGAAGGAGGTTAGAGATGATGTTGATAGCAGAGCTTCTCTGTC
 AACCTGGTTTCATGGACAAACCGATGCCCTCAATGCCGCATCCCCCTGCAATACGTC
 AAGGGTGAGAG
 CTAGGCAGGGACAAGCTACTGATCCACATAGCATAGCGGAGAGGTTACGTAGAGAGAGGATAGCAG
 AAAGAATTAGAGCATTGCAAGAGTTGGTCCCAGTGTCAATAAGACTGATAGAGCTGTAATGCTT
 ATGAAATTGAGATTATCAAATTCTACGGCTGCAAGTGAAGGTGGTGGCATGAGTAGGTTAG
 GAGGAGCTGGTGCAGTAGCACCCTGTTACAGACATTCAATATCATCAGTAGAGGAAGAGAGCA
 GTGAAGGTGGAAATAAAACCAACCAAGCTGGGAAAAGTGGTCAAGTGTGATGGCACAGAAAGGCAAG
 TGGCTAAACTCATGGAAGAAAATGTTGGTGTGCTGCAATTCTCAGTCTAAAGCACTATGTA
 TAATGCTTCTTCATCAGCAATTCTACTCTCAGGCCACAGATACTCAAGTCTGTTA
 AGCCAGAAACAAATCTCCTCTAGATGACACCCCTTATAGAAAAGGTGACATAACATGCTAAT
 GACCTTAAAGAATTCTTGCACTGGATGGTCCACTTTATCTATTCAAGTAATATTAGCTT
 TTGTTGAAAAAAACAGGGTTCTTTAAAAATTTATGTATAAAGTAACCACTTCTATCATT
 ATATATTGAGTAGTTGTTCT

SEQ ID NO: 383, *S. lycopersicum* TA21665

GCTCATTTCGTTCCCTTAAAGCTCAATAACCTATACGCCGAAACTCCGCATGGCGGACA
 ACCCACCGAGGTATATGCTGCCGATGATTTCTCGAGAAATTCTGGCATTCCCTTATGCTA
 GCCTGCCGTAACTGATTAACCGCCGGTGCTCATGGAGAAATTCAACATCTGGTGTCTCAGC
 TCCAGCAGCAGCCGTTCTCCATTGGGTTAAGTTGATAATGGCTTGCTGACGCCAACAAACA
 CTGGAGGTTTCAGTGAAGACTGAAAGAGAAGCAATGGGAAATTGTATCCAGGTCTAG
 AACATTGCAATCTCATGCTTTGCTTAAGTGTCTCAAGTCAAGTCCAGCCTTCAAG
 GCCACCCCTACATCAAGCGCAATAGTAACAATACCAACACCAACTGCTCCTAGGGTGG
 CACAAAGAGGACAGGCCACTGATCACATAGTATTGCTGAGCGGTTAAGGAGAGAAAGGATATCAG
 AACGAATAAGGTTACAGGAACCTGTCAGCTGAATAAGACCGACAGGGCAGCAATGTTG
 ATGAGATTCTGACTATGTGAAGTTCTAAGGCTCAAGTTAAGGTTACTGAGCATGAGTAGGTTGG
 GAGGAACTAGCGCGGCGGACAAGTTGTTGCTGATATTCCATTGCACTGCTGTTGAGGGAGACACCT
 GTGAAAGTCATTCAACCAGCACGCTGGGAGAAGTGGTCTGATTCTGAAACAGAGCAAGAGGTAG
 CAAAGCTCATGGAGGAAGATGTTGAAACAGCCATGCAGTACCTCAATCCAAATCACTCTGCATCA
 TGCCTATTCACTTGCTGCACTTATCTATCCGACTCAGAAAGTGACAACCAATCAATGGTCAAGC
 CAGAACAAAGCGGCCCATGTAAGACTCTAAATTACTGCAAGTGCATCAAGAACACTCTAAATTCT
 TTTAGGCCATCCGTCTATATATCCTTACCTATTCTCTTGAATCACCCCTGAAATCCTGGTA
 ATGCAATCAAACCTCAGATGACACAATTGGCTTTAGCTCAATATTGGCCCTTTATCAACTTT
 CTTGAGTTCACTGACACCTTGAACAATGGCAACACTTAAGAAGCAACCAATCCATCTATCTATAT
 CATTGTAAGGGAGGAGTGTATATTCTTCTCAACTCTGTATCTGTTATAGCTGCTGTTCCCTC
 ACTCTGTGGGTTGGTGTGACTCTTGTATCTTCTTATAGGGATAGCTAGCGATGTATTATAA
 AAGAAAATTGTCCTCAGTGCATTGGGACTGTGCGGGGAGAAAACCAAGTTGTTGAAG
 ACAAAAGCCATTAGTATACAGAAACTAAAGATGGAATGTTAGGGCTTTCTTTGGTGTAA
 ATAGCTTAATGGATGATTGAGAATCAACTTATGATGTTACTGATCTGCTGAGAAGATTAGGAT
 TAGGAGCTTCTTCATTCTTATTCTGCTCATCTGGATGTATATATGGGGATTACA
 CACCCCTTGTGAGTTGTTATTAAACACAAATGTTACCTGTTCC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

SEQ ID NO: 384, *S. lycopersicum* TC172581

TTCCATTTCAGTTCCTCAAAACCTTAACCTTCTCGCCGGAAAAAAAATTAATTGCCGGATA
 AATCTCCGGCATGGCAGCAAACCAACCGGAAGGCTATGCCGACGATTCTCGAGCAAATTCTGC
 TATTCTCCCTACTCTGGCTTGCCTGCTGATGTTGGCACTCCATCAGAGACGACGTCGTTAC
 CTCGGCGTCTGCCGTATCTCATCTTAACCTGCGCTGCTGCTGGCCTACAGCAACCTTGTTCC
 GCTGGGATTAAGCTGGATAACGCCGTGATGACGTCGGGATGCAGGTCTTAGAACA
 CTGAAAGAGAGATGGAATGAAATATGAAATCTATATGCAGGTCTAGAACACTTGC
 ATCTGCACTCTGTGCCCTCTGTTACCATGTCAGCCTTCAAGGCCACCAACA
 CGAGCACAGAGCTGCGCACCCACCTCTCAATTGCTCTAGGGGTCGAGCTCGGAGGG
 GACAAGCCACAGAAGAGAGGATATCAGAAAGAATAAAGGCTTGAGGAA
 ACTGGTACCCAGCTGCAATAAGACAGATAGGGCCGCAATGCTTGA
 GAGATGAGATTCTGACTATGTGAA
 GTTCTTAAGGCTTCAAGTAAAGTACTGAGCATGAGTAGGCTGGGAGG
 AGCCAGTGCAGTGGCAATACCTCAGTCAAATCACTGCA
 CATGCCATATCACTGCTGCAC
 TCATCTATCTACTACAACACCAGTGGACAGTCCCTGGTCAAGC
 GCTGAAGCAGCCCCATCAT
 AGACCTTCAATTGTCACGTGCCCTCAAGAACCTCCAA
 TAGCCTTGTGTCCTTCTTTGTAATTGGTGGCAATGCA
 ATGTCAAGTGCAGTGGCC
 ACAACTTTGCTT

SEQ ID NO: 385, *S. tuberosum* TA30646

TTAGAAAAGTAGCAACACACACAAAACACCCAAAACACACACTTCCATTCCATT
 TTTGCCTATAT
 ATATATATATATGAAACAAGTACTTGTGAGAGTACTAATTGTA
 CACCCTTATCTATTTTACTTG
 TAAAGAACACTTTTAAAGTACTGTTCAATTGAAATGCTTCTGAG
 AAATTAAGGTGGTCA
 AACAGCGATCCAAAGAACAGTGAATCTTATGCTGCTATGGCT
 AAACAACCCCTCTGAGG
 GACCTCTGATGATTCTTGACCAAAATCATGGGATTCTCTGCT
 CTTACATGGAGCAGAAA
 ACTAATT
 TGGCGGGAAATGATGCCGGAGCTATACCGCCCG
 GATGATGCTCAGCTTA
 ACTCCGGTGTGG
 CGGGTCA
 ATTACTGGAGTGGGTCTTGGGGTTGGGTAGGTGGTGGGG
 GTTCCATGGT
 CATGGT
 GGGGTGCTCTTTCTTCTAGGGTTGAGTTAGAACAGGG
 AAAGGTGGTTCTGAAGATGGATG
 ATGTTTCAGCACCTGGAAGGGAGGTTAGAGATGATGTT
 GTGATAGCAGAGCTTCTTCTGTCA
 AACCTGGTTTCATGGACAACCCATGCCCTCAATGCC
 GATCCACAGCAGTGGGAGAGGTTACGTAGAGAGAGGG
 GAGCTAGGGCAGGACAAGCTACTGATCCACACAGCAGTGGGAGAGGTT
 ACGTAGAGAGAGGG
 TAGAGCTGGGAGG
 GAGCTAGGGCAGGACAAGCTACTGATCCACACAGCAGTGGGAGAGGTT
 ACGTAGAGAGAGGG
 CAGAAAGAATTGAGAGCATTGCAAGAGTTGGTCCCAGTGT
 CAATAAGACTGATAGAGCTGTA
 ATGAGCTGTA
 TGAGTGGTGG
 GGGGTGCTCTTCTCTAGGGTTGAGTTAGAACAGGG
 AAAGGTGGTTCTGAAGATGGATGTT
 GTGATAGCAGACATTCA
 ATATCATCTGTA
 TAGAGGAGAG
 GCAGTGAAGGTGG
 GAAATAATAACCAACCA
 CAGCTGGGAAAGTGGTCAAGTGTGACAG
 GGACAGAAAGGC
 AAGTGGCTAAACTTATGAAAGAAAATGTTGGTGTGCA
 ATGCAATTCTCTG
 CAGTCTAAGGCACTAT
 GTATAATGCC
 ATTCTCTTGCAT
 CAGCAATT
 ATCTCA
 ACCACCA
 CAGATACATCA
 AAGTCTT
 TTAAGCCAGAAACAAATCCTCCTTCA
 TAGATGACAC
 CCTTATAGAAA
 AAGGTGACATAACATGCTA
 ATGACCTTAAAGAATTCTTGAAGTGGATGGT
 CCTACTTTTATCTATTAAAGTA
 ATTGTTAGCTT
 TTTGTTGAAAGAAA
 ACAGGGTT
 TTTTTTATGTTATG
 TATAAATTAAACCA
 ATTCTATCATT
 GATATATTCA
 AGTAGTTTGT
 TTTCAGC

SEQ ID NO: 386, *S. tuberosum* TA28621

GATTCAGTTCCTCAAAACCTTAACCTTCTCGCCGGAAATT
 TTTTAATTGCCGGGTA
 AAA
 TCTCCGGCATGGCAGCAAACCAACCGGAAGCCTATGCC
 GATGATTCTCTGAGCA
 AATTCTCGCTA
 TTCTCTCTACTCTGGCTTGCCTGAGCTGATGTTGG
 CACTCCATCAGAGACGACGTCGTTACCT
 CGCGTCTGCC
 GTATCTCATCTT
 ACTCTGCC
 GCTGCTGCC
 CTACAGCAACCTTGT
 CCCGT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

TGGGATTGAGCTTGGATAACGGCGTGATGACGTCAAGCGAAGCTGGCTTATGCAGTGAAGCATG
AAAGAGATGGAATGAATATCGGAAATTATTCAGGTTAGAACACTGCAATCTCATGCAGTTC
GTCACTCTGTGCCCTTCTATTCCACCATGTCCAGCCTTCAAGGCCACCAACAACGAGCACACAG
TAACTGTACCTCACCCACCTCAATTGCTCTAGGGTTCAGGCTGGAGGGGACAAGCCACAGATC
CACATAGCATTGCTGAGAGGCTGAGAAGAGAGAGGATATCTGAAAGAATAAAGGCTTGAGGAAC
TGGTACCCAGCTGCAATAAGACAGATAGGGCAGCAATGCTTGTAGAGATTCTGGACTATGTGAAGT
CTTAAGGCTTCAGTTAAGGTAAGTACTGAGCATGAGTAGGCTGGGAGGAGCCAGTGCAGTGGCACAAC
TTGTTGCTGACATTCCATTGCAATCTGTGGAGGGGGACAGTGGTGAAGTAGATCCAACCAGCATA
TATGGGATAAATGGTCCAATGTAAGCACACAGAACAGGGTTGCTAAGCTCATGGAGGAAGACGTCG
GTGCAAGCCATGCAATACTTCACTGCTAAATCACTCTGCATCATGCCCATATCACTTGTGCACTCA
TCTATCCTACTCAGAACCGGATGACCACTGGTCAAGGCTGAAGCGGCAGCCCCATCATAGA
CCTTCATTGTTGCACTGCTCTGAGAACTCTTAATAGCCTTGTCCCCCCTCTTGTATCC
TTACCTACCATCCATTGTTCTGTAAATTGGTGGCAATGCAATCAATGTCAGATGCCACA
ACTTTTGCTTTATCCAACCAATTGGCCCTTTTTTAATTACCTTCTGGAGTTCTGTCAAACA
AGGCATGATGTCATCATACCTGGAGAAAGGTAAACGTATGAAAGCACCCAAATCAATTAGCATCAT
TTCCGGATGAGGTGAGCTTCTTCAAAAGTTATCTATGATTAGCTGCTCTTCCACCAATTGG
TTGTGGGATTGTGGGGACTCCCTTATCCTTGCATAGGGATGGGGCTTGTAAAAGTAACC
AACTGGTTGTTGAAAGTATTTGTAATTAGTATATTGTAATGGGTAGTTGAAGTTGCTCT
CCCTCCAAAAAGTTTG

SEQ ID NO: 388, S. tuberosum TA37666
GAAAGAAAAAAAACAATGCAAGCTATGAACCTCATTTCAAAGCACCAGCGAAAATGGTGCCTCGTCCG
GCGAACACATCAGTCATTCCCATTGATCCGTCGTACACAGACGACTTCCCTAACAGATT
TCTCTCCGTTCTTCTTCTCCCTGGCCTGAAATCTCCGGCAGGGTCACCCCTACAAATTG
ACGACCACATCAGTCACACTCTTGGCTTCAAAGCTCCGGCAGCATCAGATCAACGGCGCAGCTG
CTGCGCAGCTGCTAAAGCGTTGATGCTTCAGCAGCAGCTCTGTTCTAGAGGAATGCCGGTA
ATGGCGGCATCAAACGACGACGGTTAAATCCGGGAATGATATTTCAGTCAAGCTTTACA
ATGGATTGCGTGGATCTTGGTCAAACCTCAAATCAATCTCAGCATTTCACCATTCTCAGGCG
AGAGTTTGGAGCTCCGGCGCGTGTGACGATGAATCAAACGCCGGCGAGTGGTCAAGCTG
GTGAGGCGCAGCCAAGCAACAGAAAGTTAGGGCTCGAAGAGGACAAGCAACTGATCCTCACAGCA
TTGCTGAAAGATTACGGAGAGAGAATTGCGAGAGGAAATGAGTCTTGCAGGGACTGTTACCTA
ATGCCAATAAGACAGACAAGGCTTCAATGTTAGATGAGATCATCGACTATGTCAGGTTCTCCAGC
TCCAAGTCAAAGTTCTGAGTATGAGCAGATTGGGTGGTCTGCAGCTGTTGCTCCCTAGTTGCTG
ATAGATCCTCTGAGGGAGGGAGGTGATTGTTACAAGGAAATGGAGGTGGGGTGGCAGTAATGGAA

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

CGACGTCGTCTGCAAACAATGACAGCAGCATGACGATGACGGAGCACCAAGGTAGCTAAGCTAATGG
 AAGAAGATATGGGATCAGCAATGCAGTATCTCAAGAAAAGGCTTATCCCTATGCCATTTCCT
 TAGCCACTGCTATTTCCACCTCACGTGTCACTCCATGAAACCCAACAACCCACTACTACTCGGCG
 GAGGCTCCGCTATCAACGGCGGTGGTGAGACCGCGGTGGACCCTCTCTCTACCTTGTCAAGCTT
 CCACTGTTCACTGAGCTACGATGGGCAATGGCGGGACTTGAGTTAGTCCTCTATCCCAATGTGAC
 TCACTGTTTATTAGAATCAATTGATTTATTTCTGTTTATACTATTATGGAATTATTT
 ATAGTCATATTAATATTGATGACTTGTAGAAA

SEQ ID NO: 389, *T. aestivum* TC253044

CACGAGGGCAAGCCAAGCCTCCGCTCTCTCTCTCTCCCTTTCCGCCAARACAAACGCCCTCCCC
 TCCCCTCGCCCTCACCTCCGCCCTCGCCGGCAGTAGTATACGCCGCCACCAGCTCGACGACCCG
 CGCCTTCCCCCGCTCGCCCGCCGTCGTCCTCCCTGCCGCTCCCCGTCCTCGCCGCGGGTT
 TGTTCTAGAGGGTGTATCTGAAGTTCTCAGCATCCGAGTGCAGCTTGTACAAAAGGAACCA
 TTCAGGCCATCTCAGATTGTCTTCATGGATGAATGATAGGATCACCAAGTTGCTGTCACTTAAGTA
 TCTACAAGTCACTCTTCATAATATTCTGAGCAGAGGGTGGGAGTCAGTTGAAGGGTGTAA
 AGATGGACTACTCTAATGGTCTTCTTCTTCATGCCCTGGCAATTCCGCTCCGAGAATTATA
 GCTTTGTTGATGGTCACTGGAATCATATGCAAGAAGAAGGAGTATGCCACCTACAGGCTATTCA
 GAGCTAGATCAAATCAGAATTAAACATTGATGAGCATGAAACAGAACCCCTGCTATGCTGAAATG
 GGTGCTTGCCTAACACACCCAGACTGATCTATTGTTGAGATTCTGTCAGAGGACAAACATT
 CCAACAGCTTATGGAGCTTCCAACTTCAGAACAAATGGCAGTCTGCAAAGTAATTAACTCCA
 CCAGGGACTCTCAGTCACCTCAACACCTGGAACATTGACCCGCACTGGATACCCCTGGCCTT
 CTAGAACTCCTCATGCCCTGTCAGTCATTGAAAGCAATGGTAGTGAAGTTGCTGCTTCTT
 GCTGATGTCATGCTTTCTCAGCCTCAACTCTGTCAGTCACATTCCAAAATGTTCTTCTAC
 ATGGAGCCAGTAAGCTTAGAAGCTTCAGTTCAAGGGATAAAAATGCTCTATGTTCAACAAAT
 ACAAGTCATTCAAATGGAAACCTGTCAGTATTGATGAGGCAACCATGGCATCACTACATGATAG
 CAAAGAATTCTCAGTGGTAGCATCTCATTTGGTACGCCGAGCAGTCACAACTAGCTGGTAG
 TGGTTGAAGGCTGAACACAGGAACAAAATGCGATGTCAAATTCCACTCCCTTCGCTTCTGG
 TAGTCAGATGGCAGTGAGTGAAGCAAGGGCAATGATTCCTCAAAGATAAGCTCAACGATCCA
 TAACAATAAAAGTGAAGTACCCCTGTCCTATCAGCATTCTGCTGATGCGCAGAACAGGAAATT
 AGCTAATGGAAACAGTCCAGTGTCAAGCCACGAGCAAGGGCTGTCGGACAGGCAACTGACCC
 TCATAGTATTGTCGAACGGCTTCAGAGAGAAGATCTCAGAGAGGATGAAAAATCTCAAGACCT
 TGTACCAAACCTCAAATAAGGCAAGATAAAATCATCAATGCTCGATGAAATAATTGATTATGTGAAATT
 TCTTCAGCTTCAGGTGAGGTCTTAAGCATGAGTAGGCTAGGAGCTCCGGGGCAGTTCTCCCT
 CCTTGCAAGATCTCAAACCTGAGGCCGCTAGCAATTCCACCTCATCTCAACCGCTTCACAAGG
 GCTTCAGGATGCGAGGCCAGAAAGCAGCTGGTCTTGAAGCAAGAAGTTAAAGCTGATGGA
 AACAAAGCATTCAAATGCACTGCAAGCTACCTTCAGAACAGGGCCTGCTGATGCCATCGCTCT
 TGCTTCAGGATCAAACAGAAAGGCACTCTGCAAGCTGCAATCCCTGAAAGGTGAAAACA
 GAAAGCACATCATGCTCTCCCATGGCCCGGGAAACAACACTGTCGAATGTCAGAGTTCAAG
 AAGTTGTGAGAAAACAAAATCCGAGGCTGAAGGATAGGAAGTTATGCGACTAATGATACAAGCTT
 ATGGTATAATCTAGTAGCTTACTCCAAGAAACCTATACTTTCTCTCTGTTGCACATCGGTT
 GGTGTGATTCTTTGTTGGACGGCATTCTAAGTGTCTGGCACCTGGGTT
 TACATGGATCTATGAGGGTATTACCGACTGTTCATGATGTTATGATGATCAAAGCAGACCTAG
 GAAAATCGGTTGCTTGGGTTCACTGGTT

SEQ ID NO: 390, *V. vinifera* GSVIVT00016367001

ATGGATGAGTATCTGGATCACTGTTTCATCCACATCATGGTCAGATGTGAATGTGAAGGAGGGA
 TCATCTTGATTTGTGGTGAGCCTAGCCAAACAAATGGGATGCTTCAAGATTCAATTGGAATATAT
 GAAGGTGATAAAAAAAACTCACCTGTTGGCATGACTAATCAACCTTATGATCGAGGGCTTGGTT

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

ACTCAAGATACTTCATCTATTGTTCTGGTGGAGAGTCATGGCTTGCAAGGGCTTACTTTGGAAGAAGCTCCACGGCAGCAAGACCTAAACACTGAAGGCATTCCTGAATGGAGCA GTGAATGGCAGCTCAGAAGTTGGATACGTGGCTGCAACTAAATACTCTACTTCACCCCCATGCTCACTGGATCTGGCTCTCCAAGCAGCTTCGCTGATTGGCATGTCAGGTCACTCGCCTTCACTGAGCTGGATCATGTTGGTGAATGGTAATGAGGCATCTGATTTCAGAGATCAGTTGGAAATTTCAAGCATTGCCCTCAATTCCACAGTTGGTCTCAACCACCTTACGGGGTGGTCTCC TTGTCCTCTTATGGGAGAATACAAGATGCAAGGCTTGGTCTGCAAGGAGAATATGTGGATAAT GAAATGGATATCATGAGGAACAGATACTGGGGATGAAATTCTGCAACTTGATAAACATTCTCA GCAATCCCCATAAAGGGGAAAAGAAGAGCAGCACACTCATCCTTCTCCTCGCGGTTGGGCC CACATGACAATGACAGCATCTGGATTACAGCTTCGCAACAGACTACGGTAGGTACTGCTTCTGGT GGCTGTAATGAACTGGAAAGCCGCTGTAAGGGCTGTCGAGGCCAGGGCACTGATCCTCACAGT ATTGCTGAAAGGCTCGAGAGAGAAAATTGCTGAAAGGATGAAAGAACCTGCAAGAACTTGTCCC AATTCAAATAAGACGGACAAAGCATCTATGTCGACGAAATCATTGAGTACGTCAAATTCTCAG CTCCAGGTCAAGGTACTAAGCATGAGTAGGCTGGGGCAGCAGAGGCAGTTGTTCTCTCATCACA GATGGCCAAGCTGAGGGCTTAAGGGCTGTCACTTACCCCTGGCTGGTCAAGCTGAAGATATT TGCAATCTCTGATCAAATTGCTTGGAGCAAGAAGTAGTGAAGTTGATGGAGTCAACGTGACC ATGGCCATGCAATATCTCAAAGCAAAGGTCTGCTGCCTTATGCCAATGCTTGTACAGCCATA TCCAGTGGAAAGGCAGCATCATCAGGTAATGGTCCGATGAGGGAAAAGAACGCAGCAACACCAAGTA GCAGCAACACCAAGTAGCAACAGCTTACCTGGCATTGGGACACATCATACATCTGATGGCAATG TTCTGA

SEQ ID NO: 391, V. vinifera GSVIVT00017237001

ATGCTCTACTCTCCCTTCTGGCTGACCTCCCCGAAACCTAAATCTCCCTGGAACTCAAT GCTTCAACCCATCTCATGCCCTCCAACAAGTCTAGGGATTGTCGACGATACCACGCCGCT AATCCGGACAACGTTAGTCGCTTCGACGAGTCCGCCATGTTGGCTCCAAGCTCCGCCAGCAC CAGATCAGCGGGAACTCGCGCCGAAAGTCGGCGTTGATGCTCAGCAGCAGTTGCTTGTCA CGAGGCGCTGCGCATGGTAGGTCGAAATGGTCCGGCGGGTGAGTCCGCCCTCTTCAA CTGGCTTGTCACTTGCACAGGGGATTCTTGCCTCGTTGACCGATCACAAACAGCTCGTTGAT GGGCTCTCTCTTCAAATCCCCAATCAGGGAGGAGACGGTTCAAGTCAAGCTCTACAATGGC TTCGCCGGAGCTCTCACGGCTCCGGTCAAGCCTCAAACCAAGCTCAGAATTCCACCATCTCAG GGTGGATCAATGCAAGGACAGAAACTACGGAGCTCCGGCACTAGGGTAGGGCAAGAAGGGTCAG GCAACTGACCCACACAGCATCGCTGAGAGATTACGTAGAGAGAATTGCAAGAGAGAATGAAGGCA CTGCAGGAACGGTTCCAATGCCAACAGACGGACAAGGCTTCAATGCTGGATGAGATCATTGAC TATGTCAAATTCTGCAAGCTCAAGTGAAGGTACTCAGCATGAGCAGGTTGGCGGTGCCAGCT GTTGTCTCCCTCGTTGCTGATATGCTCTGAGGGAGGTGACTGTATAACAGGCTAGTGGGACA AGCGGCCCCATCAGGGAGGAACCGAACGAAACAAACACATCAAACGACGCCCTCACA GTGACGGAGCACCGGGCCAAACTCATGGAGGAGGACATGGTTCCGCCATGCAAGTATCTTCAA GGCAAGGGTTATGCCCTATGCCCATCTCCCTGCCACTGCCATCTCACCACTAACCTGCCACTCC AGGAACCCATGGTGGCTGCTGCCCGTCGCCCTCAACATCAACAAACGGCAGGCCACACTCAC CCACTCTACCTAATTCAACGCCATGGCCCTCCCTCCCCAGCATGTCGTCCTGACCGTGCAG TCAGCCACCATGGGAAACGGCTGGCGACGCCCTAAAGACGCTGCCCTTCCAAGCCC TGA

SEQ ID NO: 392, V. vinifera TA46156

TCTTCCTCTCACGGAAGCTGAGAGGGCGAGAGAGCTGAGACTTCACTCCAATCAAGGCCATCTCTTC CATCTCCGAAACCTAACCACCTTCCGTCACGGCTCGACTCGTCCGAGTTGAGTGATGGCGAGC AATCCCTCGGAAGCTCCAGCGGACGATTTCTCGAGCAAATCTCGGAATTCCACCTACCCCGCA GCTGACCCATAATTGGCTGCTAATGACGTGAATTGGCCCTCCATGGTCTTCAGCTCGCTCC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

GGCGAAGGCTCTGGCACATCGCCGGTACCAAGGAACCAGTTCCGTTAGGGTTGAGGTTG
 GAGCAGGGAAAGAGCAGCTTCTGAAGCCGAAGACGCCCTGGCAAGCGCTTCGTGAG
 GAGGTTATTGATGGTAGAGCTTACCGTAAAAATGCTTCCATGGTCAACCAATGCAGGCTACC
 GTTGCTGCAGCACCAATCCTCTGCATTGCGGAAAGGGCGAGACGTGGACAGGCCACA
 GATCCACACAGCATTGCTGAGCGTTACGCAGAGAAAGAATAGCAGAGAATTAGACACTGCAG
 GAACTAGTCCTAGTGTCAACAAGACGGATAGAGCTGCAATGCTGATGAAATTGTTGATTATGTG
 AAATTCTAACAGCAGACATTCCATTAGCATCAGTCAGGAGAAGAACAGCAAGTGAAGGGAAAGAAATGAA
 CCGGCATGGGAGAAATGGTCAAATGACGGTACAGAACGACAAGTGTCAAGCTCATGGAAGAGAAAT
 GTTGGGCTGCAATGAGTCCTCAGTCCAAGGCACTGTCATGCCATCTCTCGCATCA
 GCCATTTACCACTCTCAGCAGCGGACACAACACTGATCAAGCCCCAGACAAATCCCCATCG
 TAAAACCTCTCCCACCTCCC

SEQ ID NO: 393, V. vinifera TA46194

GGGAGCAAGGAAACCGAAGCAGGGCATTCCAAACATCTTACCGATTTATCGGACGACCTCTC
 TGTGACCTCTTCTCAAACATTGACCTTTGCTAAACCCGAAACAAATCCTCATCTCTCTT
 GCTTCTCGTGGAAATCTATTTCGTTCCCGTCCATTCTCTAGCCATGGCCACCAACCCGCCG
 AAGGTTACGCCGATGATTCCCTGAAACAAATCCTCGCAATTCCCTCATCCTGGACACGCCCTA
 ATATGGTGGGAAACGGGTTCTACCATGGTCTGAGCTGAGTTCAAGGCCACGGCTCAGGCCACGCTG
 CCGGAGGTGGCTTCCAGGGGCCGGTCTTCAGGTTAGGTCTGAGCTGGAGAGCGGGATTCCGGCGA
 CACAGGTGGGCCAGGAAGTGGCGAGCGGTTCGAGATGACGTTGATGCCAGAGGTTCTCAGGGA
 GGAGCGAGAGAGACTGGTGCATTGGATGGTTGTTCCGGCGTATGGACATGTACAGTCTCT
 CCGTCCGACCCGCCGTTCTCAAGTTCACCCAGGCTTCTATGGCCACGCCAACCCCTGTCCCAATT
 CTGCTGCCACACCCGCCAGCTATCCGCCCCAAAGGTGCGTCTGGCGGGACAAGCCACTGATC
 CTCACAGCATTGCTGAGCGGCTACGTAGAGAGAGGATAGCAGAAAGAATGAAGGCTTGCAGAAC
 TTGTCCTAGCTCAAACAGCGGATAGGGCTGCAATGCTGATGAAATTGTTGACTATGTGAAGT
 TCCTAACGGCTCAAAGTCAAGGTTTGAGCATGAGTAGACTGGGAGGTGCTGGTGCAGTGGCACAA
 TCGTGGCTGACATCCCATTGCCAGCAGTTGAGGGAGAAACGGGTGAAGGTGGAAGCAACCAGCAAG
 CCTGGGATAAAATGGTCAAATGATGGCACAGAACGAGAAGTAGCAAAGCTCATGGAAGAAGATGTT
 GAGCTGCTATGCACTTCCCAATCAAAGCACTGTGCATCATGCCATATCACTGCCAGCAA
 TATAACCTGCAACACAAACTGATAACCCCCACGCTCATCAAGCCTGAGCCAAATGCTCCATCTAGA
 CCCCTCGAAAATGCACTGCTGTGACAACCTCCATTGACCCCTAGTGGCTAAATCCCAAATTCC
 TTAGTATCTGAAATCCATATCTAAAGTGTCTCACTATCCCCTTGGCAATGCAATCATAGTCA
 GAAGGCAATGCTTGCCTTTTATTCTGAGTTGCTCAAAGAAAGAGTGAATCATGCT
 TTGGGAAAAAAAGAAAGGCACTTCATCATTGCTGCTGGTAAAGCGGATGGGATGACTACGATTCCATGTAAT
 TAAATGAATTGAGAAAGCTGAAATGGATAATGGAAGTCAATTCAATGTTATATTGATT
 TTCCAGTCTGGAGG

SEQ ID NO: 394, Z. mays TA139285

GTCGGCGGCAGCTGGAGAGCGAGGGCCAGCGACCAAGTTACAGTTGCCGGGGCAAAGTGGGCCAC
 TTGGTGCCTAGGACATGGCCGGGCAACGCCACCGCAGGGCCCGAAGACGATTCTCGACCAAGTT
 CTTCTCCATGACGGCCGGCTCTACCCGGCGAACCGCGGGCGCCGGGCGACCGGGTGA
 CCAGCGTTTCCCTGCGCTCAGCTCGACGCCGGCGCGCTGAGGCTCCGGAAAGCGGGAGCA
 CGCCGACGGTGGCAAGCGGACCGGGAGGCTATAACAGCTCCCTGGCTCTCCGCCGGCGTTGG
 CGCGGGTGTGCAAGCCACCCACCTCGGCCACCCGCCACAGGTGTTCCACGCCAGCAGCC
 GAAGCAAGGCGGTGCGGCAGTCGGGCCACAACGCCGGCACCGGAGGCCAAAGGTGCGGGCGCCG

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)

TGGGCAGGCGACCGACCCCCCACAGCATCGCGGAGAGGCTAAGAAGAGAGAGAAATAGCAGAAAGGAT
 GAGGGCCCTACAGGAATTGGTGCCCAATAACAAACAAGACAGATAGAGCAGCTATGCTAGATGAGAT
 CCTAGATTATGTGAAGTTCTGAGGCTTCAGTCAAGGTTCTAACGATGAGCAGGCTGGGTGGTGC
 TGGTGCCTGGCACAGCTGGTGCATATCCCCTTCAGTTAACGGGGAAAGCAAGTGTAGTGG
 GAGCAAACAGCAGATTGGGAGAAGTGGTCAACGGACGGCACAGAAAGACAGGTCGCAAAGCTGAT
 GGAAGAAGACATTGGGAGCAGCGATGCAATTCCCTCAGTCCAAAGCACTCTGCATGATGCCATCTC
 GCTGCCATGGCAATCTATGACACGCAACATTGCAAGGACGGACAACCAGTAAACCAGAACCCAA
 CACTCCTTCTAGTATAGTGGCAGCAAGCGTAACTTGATCCTTCCGGCTGTTAGCAGGCGTTA
 ACCTACCAATCAAAGCGTAAGATAGAAATGCCGCTTCGATTCACTAACAAAGGAGGAGGCAAGGAA
 AAAAGACCTAAAAGATCCTCTCACTTGAAGTTGTACCAAATGGTATATGATATGCCCTTCCCTT
 TCCGATTTGTTCAAAGGTGCTTAATTGCAAGGATATGGTAAGCAATAACCTGCTATGCTCC
 TCCATCTTCAATGCCCTATGAGTGTGAGTGATGGAGAGAGGGAGCTGCTAAAAGAGTCTGGCA
 TGCTCTATAATGTTCTTCCGGGTCTGTAGTGCAGTAGCTAGCCATACACTTGTGGTGGGGGG
 GCTGCTGCTTTCTGGTAGTGGGTGTATATGCACTAACAAAGGGACTGATGTATGAGTGTGTCT
 CGGGCCTGCGCAAATGGTTGACAAAGTTAGATAACAGGATGAAATGGAAGATGATGTTGATAGCGA
 TGTCTTCTTCTCCATTTCAAAAGTGGAGGTCCGAGGCAGGCTTGGTCAATGGAGGCTGAGC
 GTGCGTTCAGCGTTGCTAGTGGATCTGCTATCTGCGTTGAATACTTATTATATGGATCCAC
 ACTCTGATAAGAACATTG

SEQ ID NO: 395, *Z. mays* TA126400

GCTTCACACTTCCCCAGCAGAGCAGGCAAACCGCTCCCACTTCCAGTCTCTCACCTGAGGTGACTG
 GCGTCTCTTGTGCAAGCCGCCAGAAGCTTCCGCCCTGACGCGTGGGGGCCCGTCCGCCCGCG
 CCCCGTCCCCACGTTGCCGCCATGGCGGGCAGCCACCGCGTCCGGGCGCTCCGCCACGCCGGCG
 CCTCGAGCACTTCTGCCCTCCCCCTCCGCCCTCCGCCGCTGCCGCCGAGGACGACTT
 CGGTGTTGGCGGGGACCAACCCCTTCCCCCTGCCCTCAGCTCGACGCCGCCGAGGCCAACGCC
 GGACCGTGATCCCGTGAGCTCGCCGCCCTTCCGCCGGTGTGCTGGCGCCGGCGTGTGCA
 CCAGCCGCACCTCCGCCGCCACCGCGCTCCGAGATGTTCCAGGCGCAGCCGAAGCCGGGAGGG
 AGGCATGGCGCCGCAGCCGCCAGCCCCCGCGGGCCAAGGTGCGCGCGGGCGGGGCCAGGCCACCGA
 TCCCCACAGTATTGGAGAGGGTAAGGAGAGAGAAATTGCAAGAAAGGATGAGGGCATTGAGGA
 ATTAGTCCCCAACACAAACAAGACAGATAGGGCAGCCATGCTAGATGAGATCCTGATTATGTGAA
 GTTCTTAGGCTCAAGTAAAGGTTCTGAGTATGAGACTGGCGAGGCAGGGCAGGCCGGTTCGCA
 GCTGGTTGCTGATATTCACCTCAGTTAAGGGCGAGGCAGGGCAGGCCGGGGGGCGCCGAGCA
 GCAGCAGCAGCACCGTGTGGAGAAGTGGTCAGGGCACGGCACGGAGAAGCAGGTGGCAAGCT
 GATGGAGGAGGACATCGGGCGGCATGCAAGTCCCTCAGTCAAGGCCTGTGCTATGCCGGT
 CTCGCTCGCGATGGGATTTACGACACCCAGCACCCCTGGACGGCACGGCCACTCGCTGAAGCC
 CGAGCCAACCGCGTCATCCTAGTACAGTAACGTCGCTTAGCGCTTCCAATTCAAACACCCA
 CCCCCCTTCTCCCTAAAAGTACTGTTAGGCCGATATTATCGGAAGAAAAAAAGAAGTGTATG
 ATATACCGAGCGTGCCTTCAGTGTGCTGACCCGTGGGATAGGAAGGACCGAAAATTGTTGTA
 TATGATGATTATGTAGCCTCCTGTTGCCTGTTCAATCAAAGCAATGCTCATGCATCCA
 GGTTTC

FIGURA 5 (CONTINUACIÓN)