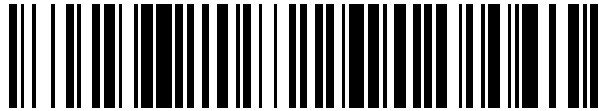


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 535 011**

51 Int. Cl.:

C12N 15/29 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

A01H 1/00 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

C07K 14/415 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **13.02.2009 E 09710460 (8)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **28.01.2015 EP 2255003**

54 Título: **Tolerancia a la sequía y al calor en plantas**

30 Prioridad:

15.02.2008 US 29048 P

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

04.05.2015

73 Titular/es:

**CERES INC. (100.0%)
1535 Rancho Conejo Boulevard
Thousand Oaks, CA 91320-1440, US**

72 Inventor/es:

**CHRISTENSEN, CORY;
WANG, WUYI y
YANG, DENNIS**

74 Agente/Representante:

DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto

Observaciones :

Véase nota informativa (Remarks) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 535 011 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

Tolerancia a la sequía y al calor en plantas

Incorporación por referencia del listado de secuencias o tabla

5 El material en el listado de secuencias adjunto se incorpora por la presente por referencia en esta solicitud. El archivo adjunto, denominado 11696-248W01_sequence_listing se creó el 5 de febrero, 2009 y tiene 3.090 KB. Puede accederse al archivo usando Microsoft Word en un ordenador que usa Windows OS.

Campo técnico

10 Este documento se refiere a métodos y materiales implicados en la modulación de la tolerancia a la sequía y/o calor en plantas. Por ejemplo, este documento proporciona plantas que tienen una tolerancia incrementada a la sequía y/o calor así como materiales y métodos para preparar plantas que tienen una tolerancia incrementada a la sequía y/o calor.

Antecedentes

15 Debido a su naturaleza sésil, las plantas están constantemente bajo la amenaza de estrés por temperatura cuando están sometidas a un amplio rango de variaciones de temperatura en diferentes hábitats y climas durante las estaciones de crecimiento e incluso diurnamente. Las plantas más valiosas económicamente, incluyendo aquellas usadas en agricultura, horticultura, silvicultura, biomasa para bioconversión, y otras industrias (por ejemplo, la industria del papel o las industrias farmacéutica/química en las que las plantas se usan como fábricas de producción de proteínas u otros compuestos) están expuestas a temperaturas mayores de las óptimas, o estrés por calor, durante algunos estadios de su ciclo de vida desde la germinación de la semilla hasta la maduración de la semilla (Maestri et al. *Plant Mol. Biol.* 48: 667-681 (2002)). El estrés por calor es uno de los estreses más comunes en la producción de cultivos. Bajo estrés por calor, las plantas pueden sucumbir a una variedad de daños fisiológicos y de desarrollo, incluyendo deshidratación debida a transpiración incrementada, alteración de la asimilación de carbono fotosintético, inhibición de la translocación de asimilados, respiración incrementada, tamaño reducido de órganos debido a una disminución de la duración de las fases de desarrollo, disrupción del desarrollo de la semilla, y una reducción de la fertilidad (Berry y Bjorkman, *Ann. Rev. Plant Physiol.* 31: 491-543 (1980); Cheikh y Jones, *Plant Physiol.* 106: 45-51 (1994)). Así, la exposición a estrés por calor resulta frecuentemente en rendimiento reducido y calidad del cultivo disminuida globalmente (Maestri et al. *Plant Mol. Biol.* 48: 667-681 (2002)).

20 En el campo, el estrés por calor está asociado frecuentemente a otros estreses, tales como sequía y alta luz, que presenta un reto incluso mayor para las plantas. Las plantas expuestas a condiciones de baja cantidad de agua o sequía tienen típicamente bajos rendimientos de material vegetal, semillas, fruto y otros productos comestibles. Algunas áreas del mundo tienen consistentemente una pluviosidad muy baja y, por lo tanto, tienen problemas para crecer cultivos alimentarios suficientes para su población.

25 En la base de datos UniProt EBI número de registro UNIPROT:Q9LHJ8, se describe un polipéptido correspondiente a SEQ ID NO: 749 (discutido adicionalmente más adelante). EP1033405 también describe una secuencia de polipéptido correspondiente a SEQ ID NO: 749.

30 Así, existe una necesidad de métodos para incrementar la tolerancia a la sequía y/o calor en las plantas.

Resumen

35 Este documento proporciona métodos y materiales que se refieren a plantas que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía. Por ejemplo, este documento proporciona plantas y células de planta transgénicas que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía, ácidos nucleicos usados para generar plantas y células de planta transgénicas que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía, y métodos para preparar plantas y células de planta que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía. Dichas plantas que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía pueden ser útiles para producir biomasa que puede convertirse en un combustible líquido u otros químicos y/o para producir cultivos con un rendimiento y/o calidad incrementados.

40 En la presente memoria se proporcionan métodos para producir una planta.

45 En un aspecto, un método comprende crecer una célula de planta que comprende un ácido nucleico exógeno. El ácido nucleico exógeno comprende una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene 80 por ciento o más de identidad de secuencia con una secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 749. Una planta producida a partir de la célula de planta tiene una diferencia en la tolerancia a la sequía o la tolerancia al calor comparada con una planta control que no comprende el ácido nucleico exógeno.

50 En otro aspecto, el polipéptido puede comprender un dominio de dedo de cinc semejante a AN1 que tiene 70 por ciento o más de identidad de secuencia con el dominio de dedo cinc semejante a AN1 de SEQ ID NO: 749 u ortólogos de ésta tales como los identificados en el listado de secuencias y un dominio de dedo cinc semejante a

A20 que tiene 70 por ciento o más de identidad de secuencia con el dominio de dedo cinc semejante a A20 de SEQ ID NO: 749 u ortólogos de ésta tales como los identificados en el listado de secuencias; En otro aspecto, un método para modular la tolerancia a la sequía comprende introducir en una célula de planta un ácido nucleico exógeno que comprende una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene 80 por ciento o más de identidad de secuencia con una secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 749. Una planta producida a partir de la célula de planta tiene una diferencia en la tolerancia a la sequía comparada con una planta control que no comprende el ácido nucleico exógeno.

En la presente memoria se proporcionan células de planta que comprenden un ácido nucleico exógeno. En un aspecto, el ácido nucleico exógeno comprende una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido. En un aspecto, el ácido nucleico exógeno comprende una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene 80 por ciento o más de identidad de secuencia con una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 749. Una planta producida a partir de la célula de planta tiene una diferencia en la tolerancia a la sequía o la tolerancia al calor comparada con una planta control que no comprende el ácido nucleico exógeno.

Las plantas transgénicas de cualquier aspecto proporcionado en la presente memoria pueden ser un miembro de una especie seleccionada del grupo que consiste en *Panicum virgatum* (pasto varilla), *Sorghum bicolor* (sorgo, zahína), *Miscanthus giganteus* (miscanto), *Saccharum* sp. (caña de azúcar), *Populus balsamifera* (álamo), *Zea mays* (maíz), *Glycine max* (soja), *Brassica napus* (canola), *Triticum aestivum* (trigo), *Gossypium hirsutum* (algodón), *Oryza sativa* (arroz), *Helianthus annuus* (girasol), *Medicago sativa* (alfalfa), *Beta vulgaris* (remolacha), o *Pennisetum glaucum* (mijo perla).

A no ser que se defina otra cosa, todos los términos técnicos y científicos usados en la presente memoria tienen el mismo significado que el entendido comúnmente por un experto en la técnica a la que pertenece esta invención. Aunque pueden usarse métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en la presente memoria para llevar a la práctica la invención, más adelante se describen métodos y materiales adecuados. Además, los materiales, métodos, y ejemplos sólo son ilustrativos y no se pretende que sean limitativos.

Los detalles de una o más realizaciones de la invención se muestran en los dibujos adjuntos y en la descripción siguiente. Otras características, objetos, y ventajas de la invención serán evidentes a partir de la descripción y dibujos, y de las reivindicaciones. La expresión "que comprende" en las reivindicaciones puede reemplazarse por "que consiste esencialmente en" o por "que consiste en", según la práctica estándar en las leyes de patentes.

Descripción de los dibujos

La Figura 1 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME00029 (SEQ ID NO: 442) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, GI Público ID no. 72384401 (SEQ ID NO: 443), CLON Ceres ID no. 1079382 (SEQ ID NO: 445), CLON Ceres ID no. 1853461 (SEQ ID NO: 447), CLON Ceres ID no. 1626485 (SEQ ID NO: 451), CLON Ceres ID no. 1713920 (SEQ ID NO: 459), CLON Ceres ID no. 1772747 (SEQ ID NO: 463), CLON Ceres ID no. 225960 (SEQ ID NO: 465), GI Público ID no. 115443807 (SEQ ID NO: 470), y CLON Ceres ID no. 569388 (SEQ ID NO: 483). En todas las figuras de alineamiento mostradas en la presente memoria, un guión en una secuencia alineada representa un hueco, es decir, una ausencia de un aminoácido en esa posición. Los aminoácidos idénticos o las sustituciones de aminoácidos conservadas entre las secuencias alineadas se identifican con cajas. La Figura 1 y las demás figuras de alineamiento proporcionadas en la presente memoria se generaron usando el programa MUSCLE versión 3.52.

La Figura 2 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME00045 (SEQ ID NO: 489) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 571200 (SEQ ID NO: 494), CLON Ceres ID no. 1928532 (SEQ ID NO: 496), ANOT Ceres ID no. 1490637 (SEQ ID NO: 498), CLON Ceres ID no. 295496 (SEQ ID NO: 514), GI Público ID no. 115463637 (SEQ ID NO: 515), y CLON Ceres ID no. 1999444 (SEQ ID NO: 518).

La Figura 3 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02190 (SEQ ID NO: 568) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 695006 (SEQ ID NO: 578) y ANOT Ceres ID no. 1527488 (SEQ ID NO: 584).

La Figura 4 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02549 (SEQ ID NO: 590) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, ANOT Ceres ID no. 1501305 (SEQ ID NO: 623), CLON Ceres ID no. 607280 (SEQ ID NO: 627), GI Público ID no. 92887174 (SEQ ID NO: 632), CLON Ceres ID no. 1857162 (SEQ ID NO: 634), GI Público ID no. 115477272 (SEQ ID NO: 674), y CLON Ceres ID no. 264002 (SEQ ID NO: 682).

La Figura 5 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02865 (SEQ ID NO: 705) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, GI Público ID no. 79320952 (SEQ ID NO: 706), y GI Público ID no. 79320957 (SEQ ID NO: 707).

La Figura 6 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME03227 (SEQ ID NO: 711) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 964616 (SEQ ID NO: 714), CLON Ceres ID no. 10009667 (SEQ ID NO: 715), ANOT Ceres ID no. 1444568 (SEQ ID NO: 719), CLON Ceres ID no. 719489 (SEQ ID NO: 725),

CLON Ceres ID no. 587748 (SEQ ID NO: 733), GI Público ID no. 125528114 (SEQ ID NO: 734), y CLON Ceres ID no. 274172 (SEQ ID NO: 737).

5 La Figura 7 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME04477 (SEQ ID NO: 742) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 1620215 (SEQ ID NO: 759); GI Público ID no. 38016527 (SEQ ID NO: 796); CLON Ceres ID no. 1798756 (SEQ ID NO: 763); GI Público ID no. 75133829 (SEQ ID NO: 799); ANOT Ceres ID no. 1460527 (SEQ ID NO: 801); GI Público ID no. 119720772 (SEQ ID NO: 857); CLON Ceres ID no. 708446 (SEQ ID NO: 859); GI Público ID no.92896423 (SEQ ID NO: 892); CLON Ceres ID no.1387149 (SEQ ID NO: 912); GI Público ID no. 5031281 (SEQ ID NO: 953); CLON Ceres ID no.1775820 (SEQ ID NO: 955); GI Público ID no.35187687 (SEQ ID NO: 988); GI Público ID no. 115468934 (SEQ ID NO: 991); GI Público ID no. 118424243 (SEQ ID NO: 1000); ANOT Ceres ID no. 6063957 (SEQ ID NO: 1010); ClonCeres: 1030374 (SEQ ID NO: 1306); GI Público ID no. 113196593 (SEQ ID NO: 798); GI Público ID no. 112819496 (SEQ ID NO: 999), y GI Público ID no.169363 (SEQ ID NO: 1215).

15 La Figura 8 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME18396 (SEQ ID NO: 1012) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 287430 (SEQ ID NO:1018), ANOT Ceres ID no. 451889 (SEQ ID NO:1020), CLON Ceres ID no.936084 (SEQ ID NO:1055), CLON Ceres ID no. 1792501 (SEQ ID NO:1066), ANOT Ceres ID no. 1437875 (SEQ ID NO:1068), GI Público ID no. 1853968 (SEQ ID NO:1093), GI Público ID no. 27530032 (SEQ ID NO:1094), CLON Ceres ID no. 1834483 (SEQ ID NO:1110), GI Público ID no. 84579418 (SEQ ID NO: 1113), GI Público ID no. 15077030 (SEQ ID NO: 1117), y GI Público ID no. 13752458 (SEQ ID NO:1118).

20 La Figura 9 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME20095 (SEQ ID NO: 1129) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, GI Público ID no. 72255610 (SEQ ID NO:933), CLON Ceres ID no. 1927040 (SEQ ID NO:926), CLON Ceres ID no. 1562633 (SEQ ID NO:1140), ANOT Ceres ID no. 1692728 (SEQ ID NO: 1142), CLON Ceres ID no. 921110 (SEQ ID NO: 1144), CLON Ceres ID no. 1791180 (SEQ ID NO: 1146), CLON Ceres ID no. 527891 (SEQ ID NO: 1148), ANOT Ceres ID no. 1522414 (SEQ ID NO: 1150), y GI Público ID no. 51458330 (SEQ ID NO:1182).

25 La Figura 10 es un alineamiento de CLON Ceres ID no. 31309 (SEQ ID NO:60) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 872030 (SEQ ID NO:62), CLON Ceres ID no. 100029223 (SEQ ID NO:74), CLON Ceres ID no. 1939845 (SEQ ID NO:98), CLON Ceres ID no. 2015383 (SEQ ID NO:102), CLON Ceres ID no. 1607893 (SEQ ID NO:104), CLON Ceres ID no. 1075133 (SEQ ID NO:152), y CLON Ceres ID no. 1218065 (SEQ ID NO:915).

30 La Figura 11 es un alineamiento de LOCUS Ceres ID no. At2g26150 (SEQ ID NO: 364) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, ANOT Ceres ID no. 1455221 (SEQ ID NO: 407), GI Público ID no. 729774 (SEQ ID NO: 408), CLON Ceres ID no. 1414288 (SEQ ID NO: 410), GI Público ID no. 115482048 (SEQ ID NO: 413), y GI Público ID no. 56117815 (SEQ ID NO: 421).

35 La Figura 12 es un alineamiento de LOCUS Ceres ID no. At1g32330 (SEQ ID NO: 311) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, ANOT Ceres ID no. 1538958 (SEQ ID NO:319), GI Público ID no. 115521213 (SEQ ID NO:320), GI Público ID no. 42415865 (SEQ ID NO:321), GI Público ID no. 729775 (SEQ ID NO:322), GI Público ID no. 11386827 (SEQ ID NO:323), GI Público ID no. 115456675 (SEQ ID NO:326), y GI Público ID no. 89274218 (SEQ ID NO:335).

40 La Figura 13 es un alineamiento de CLON Ceres ID no. 41543 (SEQ ID NO:160) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 1837065 (SEQ ID NO:162), ANOT Ceres ID no. 1531178 (SEQ ID NO:184), CLON Ceres ID no. 470694 (SEQ ID NO:242), GI Público ID no. 92867368 (SEQ ID NO:253), CLON Ceres ID no. 859707 (SEQ ID NO:256), CLON Ceres ID no. 392275 (SEQ ID NO:268), CLON Ceres ID no. 1828394 (SEQ ID NO:282), y GI Público ID no. 115466694 (SEQ ID NO:294).

45 La Figura 14 es un alineamiento de CLON Ceres ID no. 14572 (SEQ ID NO:2) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, GI Público ID no. 115470807 (SEQ ID NO:5), CLON Ceres ID no. 1842931 (SEQ ID NO:15), CLON Ceres ID no. 321308 (SEQ ID NO:17), CLON Ceres ID no. 1725811 (SEQ ID NO:19), CLON Ceres ID no. 1357455 (SEQ ID NO:21), CLON Ceres ID no. 943370 (SEQ ID NO:23), CLON Ceres ID no. 1327712 (SEQ ID NO:25), CLON Ceres ID no. 1764692 (SEQ ID NO:27), y ANOT Ceres ID no. 1512656 (SEQ ID NO:41).

50 La Figura 15 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02401 (SEQ ID NO:749) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, CLON Ceres ID no. 1847516 (SEQ ID NO: 1195), CLON Ceres ID no. 1961986 (SEQ ID NO: 1201), y ANOT Ceres ID no. 6091930 (SEQ ID NO: 1207).

55 La Figura 16 es un alineamiento de LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME004246 (SEQ ID NO: 1311) con secuencias homólogas y/o ortólogas, incluyendo, ClonCeres: 971761 (SEQ ID NO: 1313), ClonCeres: 1946574 (SEQ ID NO: 1331), ClonCeres: 2055551 (SEQ ID NO: 1340), ClonCeres: 100045499 (SEQ ID NO: 1347), ClonCeres: 1465853 (SEQ ID NO: 1353), y ClonCeres: 753982 (SEQ ID NO: 1360).

Descripción detallada

La invención presenta métodos y materiales relacionados con el incremento de la tolerancia al calor y/o sequía en las plantas. En algunas realizaciones, las plantas pueden tener una tolerancia incrementada al calor y la sequía. Los métodos pueden incluir transformar una célula de planta con un ácido nucleico que codifica un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía, en el que la expresión del polipéptido resulta en una tolerancia incrementada al calor y/o sequía. Las células de plantas producidas usando dichos métodos pueden crecerse para producir plantas que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía. Dichas plantas, y las semillas de dichas plantas, pueden usarse para producir, por ejemplo, pueden usarse para producir biomasa y/o para producir cultivos con rendimiento y/o calidad incrementados.

10 I. Definiciones:

"Aminoácido" se refiere a uno de los veinte aminoácidos biológicos y a aminoácidos sintéticos, incluyendo isómeros ópticos D/L.

15 "Promotor preferencial de tipo de célula" o "promotor preferencial de tejido" se refiere a promotor que dirige la expresión preferencialmente en un tipo de célula o tejido diana, respectivamente, pero también asimismo puede dar lugar a alguna transcripción en otros tipos de células o tejidos.

"Planta control" se refiere a una planta que no contiene el ácido nucleico exógeno presente en una planta transgénica de interés, pero tiene sin embargo el mismo fondo genético o uno similar que dicha planta transgénica. Una planta control adecuada puede ser una planta de tipo salvaje no transgénica, un segregante no transgénico de un experimento de transformación, o una planta transgénica que contiene un ácido nucleico exógeno distinto del ácido nucleico exógeno de interés.

20 "Dominios" son grupos de aminoácidos sustancialmente contiguos en un polipéptido que pueden usarse para caracterizar familias de proteínas y/o partes de proteínas. Dichos dominios tienen una "huella" o "firma" que puede comprender una secuencia primaria, estructura secundaria, y/o conformación tridimensional conservadas. Generalmente, los dominios se correlacionan con actividades específicas in vitro y/o in vivo. Un dominio puede tener una longitud de 10 aminoácidos a 400 aminoácidos, por ejemplo, 10 a 50 aminoácidos, ó 25 a 100 aminoácidos, ó 35 a 65 aminoácidos, ó 35 a 55 aminoácidos, ó 45 a 60 aminoácidos, ó 200 a 300 aminoácidos, ó 300 a 400 aminoácidos.

25 "Exógeno" respecto a un ácido nucleico indica que el ácido nucleico es parte de una construcción de ácido nucleico recombinante, o no está en su entorno natural. Por ejemplo, un ácido nucleico exógeno puede ser una secuencia de una especie introducida en otra especie, es decir, un ácido nucleico heterólogo. Típicamente, dicho ácido nucleico exógeno se introduce en la otra especie mediante una construcción de ácido nucleico recombinante. Un ácido nucleico exógeno también puede ser una secuencia que es nativa para un organismo y que se ha reintroducido en las células de ese organismo. Un ácido nucleico exógeno que incluye una secuencia nativa puede distinguirse a menudo de la secuencia natural por la presencia de secuencias no naturales unidas al ácido nucleico exógeno, por ejemplo, secuencias reguladoras no nativas que flanquean una secuencia nativa en una construcción de ácido nucleico recombinante. Además, los ácidos nucleicos exógenos transformados de manera estable típicamente se integran en posiciones distintas de la posición en la que se encuentra la secuencia nativa. Se apreciará que un ácido nucleico exógeno puede haberse introducido en un progenitor y no en la célula considerada. Por ejemplo, una planta transgénica que contiene un ácido nucleico exógeno puede ser la progeñe de un cruce entre una planta transformada de manera estable y una planta no transgénica. Dicha progeñe se considera que contiene el ácido nucleico exógeno.

30 "Expresión" se refiere al proceso de convertir información genética de un polinucleótido en ARN a través de la transcripción, que está catalizada por una enzima, ARN polimerasa, y en proteína, a través de la traducción de ARNm en los ribosomas.

35 "Polipéptido heterólogo" tal y como se usa en la presente memoria se refiere a un polipéptido que no es un polipéptido natural en una célula de planta, por ejemplo, una planta de *Panicum virgatum* transgénica transformada con y que expresa la secuencia codificadora para un polipéptido transportador de nitrógeno de una planta de *Zea mays*.

40 "Ácido nucleico aislado" tal y como se usa en la presente memoria incluye un ácido nucleico natural, siempre que una o ambas de las secuencias que flanquean inmediatamente ese ácido nucleico en su genoma natural se eliminan o están ausentes. Así, un ácido nucleico aislado incluye, sin limitación, un ácido nucleico que existe como una molécula purificada o una molécula de ácido nucleico que se incorpora en un vector o un virus. Un ácido nucleico que existe entre cientos a millones de otros ácidos nucleicos, por ejemplo, en bibliotecas de ADNc, bibliotecas genómicas, o secciones de gel que contienen un digerido de restricción de ADN genómico, no debe considerarse un ácido nucleico aislado.

45 "Modulación" del nivel de tolerancia a un estímulo (por ejemplo, condiciones de sequía o condiciones de choque térmico) se refiere al cambio del nivel de tolerancia del estímulo indicado que se observa como resultado de la

expresión de, o transcripción a partir de, un ácido nucleico exógeno en una célula de planta. El cambio en el nivel se mide respecto al nivel correspondiente en plantas control.

"Ácido nucleico" y "polinucleótido" se usan indistintamente en la presente memoria, y se refieren tanto a ARN como ADN, incluyendo ADNc, ADN genómico, ADN sintético, y ADN o ARN que contiene análogos de ácido nucleico. Los polinucleótidos pueden tener cualquier estructura tridimensional. Un ácido nucleico puede ser bicatenario o monocatenario (es decir, una cadena con sentido o una cadena antisentido). Los ejemplos no limitativos de polinucleótidos incluyen genes, fragmentos de genes, exones, intrones, ARN mensajero (ARNm), ARN de transferencia, ARN ribosomal, ARNsi, micro-ARN, ribozimas, ADNc, polinucleótidos recombinantes, polinucleótidos ramificados, sondas de ácido nucleico y cebadores de ácido nucleico. Un polinucleótido puede contener nucleótidos no convencionales o modificados.

"Unido de manera operativa" se refiere al posicionamiento de una región reguladora y una secuencia que se va a transcribir en un ácido nucleico de manera que la región reguladora es efectiva para regular la transcripción o traducción de la secuencia. Por ejemplo, para unir de manera operativa una secuencia codificadora y una secuencia reguladora, el sitio de inicio de la traducción del marco de lectura de la traducción de la secuencia codificadora se pone típicamente entre uno y aproximadamente cincuenta nucleótidos en 3' de la región reguladora. Una región reguladora puede ponerse, sin embargo, tanto como aproximadamente 5.000 nucleótidos en 5' del sitio de inicio de la traducción, o aproximadamente 2.000 nucleótidos en 5' del sitio de inicio de la transcripción.

"Polipéptido" tal y como se usa en la presente memoria se refiere a un compuesto de dos o más subunidades de aminoácidos, análogos de aminoácidos, u otros peptidomiméticos, independientemente de modificación posterior a la traducción, por ejemplo, fosforilación o glicosilación. Las subunidades pueden estar unidas por enlaces peptídicos u otros enlaces tales como, por ejemplo, enlaces éster o éter. Los polipéptidos de longitud completa, polipéptidos truncados, mutantes puntuales, mutantes de inserción, variantes de corte y empalme, proteínas quiméricas, y fragmentos de éstos están englobados por esta definición.

"Progenie" incluye los descendientes de una planta o línea de planta particular. La progenie de una planta presente incluye las semillas formadas en F_1 , F_2 , F_3 , F_4 , F_5 , F_6 y plantas de generación posterior, o semillas formadas en BC_1 , BC_2 , BC_3 , y plantas de generación posterior, o semillas formadas en F_1BC_1 , F_1BC_2 , F_1BC_3 , y plantas de generación posterior. La designación F_1 se refiere a la progenie de un cruce entre dos parentales que son genéticamente distintas. Las designaciones F_2 , F_3 , F_4 , F_5 y F_6 se refieren a generaciones posteriores de progenie auto-polinizadas o con polinización consanguínea de una planta F_1 .

"Región reguladora" se refiere a un ácido nucleico que tiene secuencias de nucleótidos que influyen en el inicio y la velocidad de la transcripción o traducción, y estabilidad y/o movilidad de un producto de la transcripción o traducción. Las regiones reguladoras incluyen, sin limitación, secuencias promotoras, secuencias potenciadoras, elementos de respuesta, sitios de reconocimiento de proteínas, elementos inducibles, secuencias de unión a proteína, regiones no traducidas 5' y 3' (UTR), sitios de comienzo de la transcripción, secuencias de terminación, secuencias de poliadenilación, intrones, y combinaciones de éstos. Una región reguladora comprende típicamente al menos un promotor central (basal). Una región reguladora también puede incluir al menos un elemento de control, tal como una secuencia potenciadora, un elemento en 5' o una región de activación en 5' (UAR). Por ejemplo, un potenciador adecuado es un elemento regulador en cis (-212 a -154) de la región 5' del gen de octopina sintasa (ocs). Fromm et al., *The Plant Cell*, 1: 977-984 (1989).

"Regulación al alza" se refiere a la regulación que incrementa el nivel de un producto de expresión (ARNm, polipéptido, o ambos) respecto a los estados basales o nativos.

"Vector" se refiere a un replicón, tal como un plásmido, fago, o cósmido, en el que puede insertarse otro segmento de ADN de manera que se lleve a cabo la replicación del segmento insertado. Generalmente, un vector es capaz de replicarse cuando está asociado con los elementos de control apropiados. El término "vector" incluye vectores de clonación y expresión, así como vectores virales y vectores integrativos. Un "vector de expresión" es un vector que incluye una región reguladora.

II. Polipéptidos

Los polipéptidos descritos en la presente memoria incluyen polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía. Los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía pueden ser efectivos para incrementar la tolerancia al calor y/o sequía cuando se expresan en una planta o célula de planta. Dichos polipéptidos contienen típicamente al menos un dominio indicativo de los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía, como se describe con más detalle en la presente memoria. Los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía tienen típicamente una puntuación bit HMM que es mayor de 20 para un modelo HMM basado en uno de los alineamientos mostrados en las Figuras 1-16, como se describe con más detalle en la presente memoria. Como se describe en la presente memoria, los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía tienen más de 80% de identidad con SEQ ID NO: 442, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 711, SEQ ID NO: 742, SEQ ID NO: 1012, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 311, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 749, SEQ ID NO: 1311, o SEQ ID NO: 57.

A. Dominios Indicativos de polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía

- 5 Un polipéptido de tolerancia a la sequía puede ser un miembro de la familia ARN polimerasa Rpb4. La subunidad RPB4 de la ARN polimerasa eucariota forma un heterodímero con la subunidad RPB7 que se asocia reversiblemente con el núcleo de la ARN polimerasa II. SEQ ID NO: 442 muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificado en la presente memoria como LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID No. ME00029 (SEQ ID NO: 441), que se predice que codifica un polipéptido Rpb4 de ARN polimerasa.
- 10 Un polipéptido de tolerancia a la sequía puede contener un dominio sulfotransferasa 1 característico de los polipéptidos que pertenecen a la familia sulfotransferasa. Los miembros de la familia sulfotransferasa catalizan la transferencia de grupos sulfato a compuestos específicos. La SEQ ID NO: 590, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID No. ME02549 (SEQ ID NO: 589), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio sulfotransferasa 1.
- 15 Un polipéptido de tolerancia a la sequía puede contener un dominio de dedo de cinc semejante a AN1 (zf-AN1) y un dominio de dedo de cinc semejante a A20 (zf-A20). El dominio de dedo de cinc semejante a AN1 se identificó inicialmente como un dedo de cinc en el extremo C terminal de An1, una proteína semejante a ubiquitina en *Xenopus laevis*. El dominio de dedo de cinc semejante a AN1 se caracteriza por el patrón, C-X2-C-X(9-12)-C-X(1-2)-C-X4-C-X2-H-X5-H-X-C en el que X puede ser cualquier aminoácido, y los números en paréntesis indican el número de residuos. En A20, el dominio de dedo de cinc semejante a A20 media la auto-asociación y la activación de NF-kappa B inducida por IL-1. La SEQ ID NO: 742, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como Clon Ceres ID No. 24255 (SEQ ID NO: 1241), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio de dedo de cinc semejante a AN1 y un dominio de dedo de cinc semejante a A20. La SEQ ID NO: 749, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID No. ME02401 (SEQ ID NO: 1188), también se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio de dedo de cinc semejante a AN1 y un dominio de dedo de cinc semejante a A20.
- 20
- 25 Un polipéptido de tolerancia a la sequía puede contener un dominio de deshidrogenasa de cadena corta (adh_short). La mayor parte de los polipéptidos que contienen un dominio de deshidrogenasa de cadena corta son polipéptidos de aproximadamente 250 a 300 residuos de aminoácidos, y son óxidorreductasas dependientes de NAD o NADP. La SEQ ID NO: 1012, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID No. 18396 (SEQ ID NO: 1260), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio de deshidrogenasa de cadena corta.
- 30
- 35 Un polipéptido de tolerancia a la sequía puede contener un dominio de trehalosa-fosfatasa (Trehalosa_PPasa) característico de los polipéptidos trehalosa fosfatasa. Las trehalosa fosfatasas catalizan la desfosforilación de trehalosa-6-fosfato a trehalosa y ortofosfato. La trehalosa es un disacárido común en bacterias, hongos, e invertebrados que parece jugar un papel en la tolerancia a la desecación. La SEQ ID NO: 1129, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID No. ME20095 (SEQ ID NO: 1126), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio de trehalosa-fosfatasa.
- 40 Un polipéptido de tolerancia al calor puede ser un polipéptido relacionado con sinaptobrevina. La SEQ ID NO: 160, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como Clon Ceres ID no. 41543 (SEQ ID NO: 159), se predice que codifica un polipéptido relacionado con sinaptobrevina.
- 45 Un polipéptido de tolerancia al calor puede contener un dominio de unión a ADN de tipo HSF, que se predice que es característico del activador de la transcripción del factor de choque térmico. Los activadores de la transcripción del factor de choque térmico se encuentran a menudo asociados con promotores de proteínas de choque térmico durante el choque térmico. La SEQ ID NO: 311, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LOCUS Ceres ID no. At1g32330 (SEQ ID NO: 310), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio de unión a ADN de tipo HSF. La SEQ ID NO: 364, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LOCUS Ceres ID no. At2g26150 (SEQ ID NO: 363), también se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio de unión a ADN de tipo HSF.
- 50 Un polipéptido de tolerancia al calor puede contener un dominio DnaJ. La proteína de choque térmico eucariota DnaJ interacciona con la proteína DnaK semejante a chaperona hsp70. Estructuralmente, la proteína DnaJ consiste en un dominio N terminal conservado (denominado dominio "J") de aproximadamente 70 aminoácidos, un región rica en glicina (dominio "G") de aproximadamente 30 residuos, un dominio central que contiene cuatro repeticiones de un resto CXXCXGXG (dominio "CRR") y una región C terminal de 120 a 170 residuos. La SEQ ID NO: 60, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como CLON Ceres ID no. 31309 (SEQ ID NO: 58), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio DnaJ.
- 55 Un polipéptido de tolerancia a la sequía puede contener un dominio KH_2. La mayor parte de los polipéptidos que contienen un dominio KH_2 tienen típicamente alrededor de 70 aminoácidos y están presentes en una amplia variedad de proteínas de unión a ácido nucleico bastante diversas. Se ha mostrado que se une a ARN. Como

muchos otros restos que se unen a ARN, los restos KH se encuentran en una o múltiples copias, cada resto es necesario para la actividad de unión a ARN in vitro, lo que sugiere que pueden funcionar cooperativamente o, en el caso de proteínas con un único resto KH (por ejemplo, Mer1p), independientemente. Según el análisis estructural el dominio KH puede separarse en dos grupos. El primer grupo o tipo 1 contiene una estructura beta-alfa-beta-beta-alfa, mientras en el tipo 2 las dos últimas láminas beta están localizadas en la parte N terminal del dominio (alfa-beta-beta-alfa-alfa-beta). La similitud de secuencia entre estos dos plegamientos está limitada a una región corta (VIGXXGXXI) en el resto de unión a ARN. Este resto está localizado entre las hélices 1 y 2 en el tipo 1 y entre las hélices 2 y 3 en el tipo 2. La SEQ ID NO: 1311, que muestra la secuencia de aminoácidos de un clon de *Arabidopsis*, identificada en la presente memoria como LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID No. ME04246 (SEQ ID NO: 1362), se predice que codifica un polipéptido que contiene un dominio KH₂.

B. Homólogos funcionales identificados por BLAST recíproco

En algunas realizaciones, uno o más homólogos funcionales de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía de referencia según la SEQ ID NO: 749 definida por la descripción Pfam indicada anteriormente son adecuados para uso como polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía. Un homólogo funcional es un polipéptido que tiene similitud de secuencia con un polipéptido de referencia, y que lleva a cabo una o más de la o las funciones bioquímicas o fisiológicas del polipéptido de referencia. Un homólogo funcional y el polipéptido de referencia pueden ser polipéptidos naturales, y la similitud de secuencia puede deberse a eventos evolutivos convergentes o divergentes. Como tales, los homólogos funcionales se designan a veces en la bibliografía como homólogos, u ortólogos, o parálogos. Las variantes de un homólogo funcional natural, tal como polipéptidos codificados por mutantes de una secuencia codificadora de tipo salvaje, pueden ser en sí mismos homólogos funcionales. Los homólogos funcionales también pueden crearse mediante mutagénesis dirigida a sitio de la secuencia codificadora para un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía, o combinando los dominios de las secuencias codificadoras para diferentes polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía naturales ("intercambio de dominios"). El término "homólogo funcional" se aplica a veces al ácido nucleico que codifica un polipéptido funcionalmente homólogo.

Los homólogos funcionales pueden identificarse por análisis de los alineamientos de secuencias de nucleótidos y polipéptidos. Por ejemplo, la realización de una búsqueda en una base de datos de secuencias de nucleótidos o polipéptidos puede identificar homólogos de polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía. El análisis de las secuencias puede implicar análisis BLAST, BLAST Recíproco, o PSI-BLAST de bases de datos no redundantes usando una secuencia de aminoácidos de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía como la secuencia de referencia. La secuencia de aminoácidos se deduce, en algunos casos, de la secuencia de nucleótidos. Aquellos polipéptidos en la base de datos que tienen más de 40% de identidad de secuencia son candidatos para una evaluación adicional para su idoneidad como un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía. La similitud de secuencia de aminoácidos permite las sustituciones de aminoácidos conservativas, tales como la sustitución de un residuo hidrofóbico por otro o la sustitución de un residuo polar por otro. Si se desea, puede llevarse a cabo la inspección manual de dichos candidatos con el fin de reducir el número de candidatos que se evalúan adicionalmente. La inspección manual puede realizarse seleccionando aquellos candidatos que parecen tener dominios presentes en los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía, por ejemplo, dominios funcionales conservados.

Las regiones conservadas pueden identificarse localizando una región en la secuencia primaria de aminoácidos de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía que es una secuencia repetida, forma alguna estructura secundaria (por ejemplo, hélices y láminas beta), establece dominios cargados positivamente o negativamente, o representa un resto o dominio de una proteína. Véase, por ejemplo, el sitio de internet de Pfam que describe secuencias consenso para una variedad de restos y dominios de proteínas en la Red de Redes ("World Wide Web") en sanger.ac.uk/Software/Pfam/ y pfam.janelia.org/. Una descripción de la información incluida en la base de datos Pfam se describe en Sonnhammer *et al.*, *Nucl. Acids Res.*, 26: 320-322 (1998); Sonnhammer *et al.*, *Proteins*, 28: 405-420 (1997); y Bateman *et al.*, *Nucl. Acids Res.*, 27: 260-262 (1999). Las regiones conservadas también pueden determinarse alineando secuencias de los mismos polipéptidos o relacionados de especies relacionadas muy de cerca. Las especies relacionadas muy de cerca son preferiblemente de la misma familia. En algunas realizaciones, es adecuado el alineamiento de secuencias de dos especies diferentes.

Típicamente, los polipéptidos que presentan al menos aproximadamente 20% de identidad en la secuencia de aminoácidos son útiles para identificar regiones conservadas. Las regiones conservadas de polipéptidos relacionados presentan al menos 45% de identidad en la secuencia de aminoácidos (por ejemplo, al menos 50%, al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, o al menos 90% de identidad en la secuencia de aminoácidos). En algunas realizaciones, una región conservada presenta al menos 92%, 94%, 96%, 98%, ó 99% de identidad en la secuencia de aminoácidos.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 442 se proporcionan en la Figura 1 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen GI Público ID no. 72384401 (SEQ ID NO: 443), CLON Ceres ID no. 1079382 (SEQ ID NO: 445), CLON Ceres ID no. 1853461 (SEQ ID NO: 447), CLON Ceres ID no. 1626485 (SEQ ID NO: 451), CLON Ceres ID no. 1713920 (SEQ ID NO: 459), CLON Ceres ID no. 1772747 (SEQ ID NO: 463), CLON Ceres ID no. 225960 (SEQ ID NO: 465), GI Público ID no. 115443807 (SEQ ID NO: 470), y CLON Ceres ID no. 569388 (SEQ ID NO: 483). Otros homólogos funcionales de

SEQ ID NO: 442 incluyen CLON Ceres ID no. 1915549 (SEQ ID NO: 449), CLON Ceres ID no. 529871 (SEQ ID NO: 453), CLON Ceres ID no. 1067079 (SEQ ID NO: 455), CLON Ceres ID no. 1079572 (SEQ ID NO: 457), ANOT Ceres ID no. 1456550 (SEQ ID NO: 461), CLON Ceres ID no. 1437889 (SEQ ID NO: 469), CLON Ceres ID no. 2014249 (SEQ ID NO: 472), CLON Ceres ID no. 2033133 (SEQ ID NO: 474), CLON Ceres ID no. 707404 (SEQ ID NO: 476), CLON Ceres ID no. 1770680 (SEQ ID NO: 478), ANOT Ceres ID no. 1450989 (SEQ ID NO: 480), GI Público ID no. 72384445 (SEQ ID NO: 481), CLON Ceres ID no. 1059299 (SEQ ID NO: 485), y ANOT Ceres ID no. 6008086 (SEQ ID NO: 487). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 442 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 442.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 489 se proporcionan en la Figura 2 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 571200 (SEQ ID NO: 494), CLON Ceres ID no. 1928532 (SEQ ID NO: 496), ANOT Ceres ID no. 1490637 (SEQ ID NO: 498), CLON Ceres ID no. 295496 (SEQ ID NO: 514), GI Público ID no. 115463637 (SEQ ID NO: 515), y CLON Ceres ID no. 1999444 (SEQ ID NO: 518). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 489 incluyen GI Público ID no. 147844794 (SEQ ID NO: 490), GI Público ID no. 147842279 (SEQ ID NO: 491), GI Público ID no. 145355441 (SEQ ID NO: 492), ANOT Ceres ID no. 1461381 (SEQ ID NO: 500), ANOT Ceres ID no. 1440313 (SEQ ID NO: 502), ANOT Ceres ID no. 1448275 (SEQ ID NO: 504), ANOT Ceres ID no. 1437838 (SEQ ID NO: 506), ANOT Ceres ID no. 1501275 (SEQ ID NO: 508), CLON Ceres ID no. 1644562 (SEQ ID NO: 510), CLON Ceres ID no. 1925967 (SEQ ID NO: 512), GI Público ID no. 115435904 (SEQ ID NO: 516), GI Público ID no. 125552168 (SEQ ID NO: 519), GI Público ID no. 125594093 (SEQ ID NO: 520), CLON Ceres ID no. 221188 (SEQ ID NO: 522), ANOT Ceres ID no. 1477714 (SEQ ID NO: 524), CLON Ceres ID no. 1787953 (SEQ ID NO: 526), ANOT Ceres ID no. 1531210 (SEQ ID NO: 528), CLON Ceres ID no. 521176 (SEQ ID NO: 530), GI Público ID no. 22327055 (SEQ ID NO: 531), ANOT Ceres ID no. 1508824 (SEQ ID NO: 533), CLON Ceres ID no. 38879 (SEQ ID NO: 535), GI Público ID no. 42569309 (SEQ ID NO: 536), CLON Ceres ID no. 1817784 (SEQ ID NO: 538), CLON Ceres ID no. 284637 (SEQ ID NO: 540), GI Público ID no. 125596251 (SEQ ID NO: 541), GI Público ID no. 125554300 (SEQ ID NO: 543), CLON Ceres ID no. 1935437 (SEQ ID NO: 545), ANOT Ceres ID no. 1455622 (SEQ ID NO: 547), GI Público ID no. 55771354 (SEQ ID NO: 548), ANOT Ceres ID no. 1514655 (SEQ ID NO: 550), CLON Ceres ID no. 1848736 (SEQ ID NO: 552), GI Público ID no. 125569872 (SEQ ID NO: 553), CLON Ceres ID no. 1645078 (SEQ ID NO: 555), CLON Ceres ID no. 1790573 (SEQ ID NO: 557), GI Público ID no. 4567251 (SEQ ID NO: 558), CLON Ceres ID no. 444113 (SEQ ID NO: 561), GI Público ID no. 125525355 (SEQ ID NO: 562), ANOT Ceres ID no. 6028854 (SEQ ID NO: 564), y ANOT Ceres ID no. 6115356 (SEQ ID NO: 566). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 489 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 489.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 568 se proporcionan en la Figura 3 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 695006 (SEQ ID NO: 578) y ANOT Ceres ID no. 1527488 (SEQ ID NO: 584). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 568 incluyen GI Público ID no. 79318519 (SEQ ID NO: 569), GI Público ID no. 79318537 (SEQ ID NO: 570), CLON Ceres ID no. 956998 (SEQ ID NO: 572), CLON Ceres ID no. 978154 (SEQ ID NO: 574), CLON Ceres ID no. 1035628 (SEQ ID NO: 576), CLON Ceres ID no. 464169 (SEQ ID NO: 580), ANOT Ceres ID no. 1474075 (SEQ ID NO: 582), ANOT Ceres ID no. 1474073 (SEQ ID NO: 586), y ANOT Ceres ID no. 1527486 (SEQ ID NO: 588). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 568 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 568.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 590 se proporcionan en la Figura 4 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen ANOT Ceres ID no. 1501305 (SEQ ID NO: 623), CLON Ceres ID no. 607280 (SEQ ID NO: 627), GI Público ID no. 92887174 (SEQ ID NO: 632), CLON Ceres ID no. 1857162 (SEQ ID NO: 634), GI Público ID no. 115477272 (SEQ ID NO: 674), y CLON Ceres ID no. 264002 (SEQ ID NO: 682). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 590 incluyen GI Público ID no. 147822456 (SEQ ID NO: 591), GI Público ID no. 144923935 (SEQ ID NO: 592), GI Público ID no. 140038730 (SEQ ID NO: 593), GI Público ID no. 78708014 (SEQ ID NO: 594), GI Público ID no. 115481362 (SEQ ID NO: 595), GI Público ID no. 125531350 (SEQ ID NO: 596), GI Público ID no. 125525598 (SEQ ID NO: 597), GI Público ID no. 77548630 (SEQ ID NO: 598), GI Público ID no. 46798895 (SEQ ID NO: 599), GI Público ID no. 125564653 (SEQ ID NO: 600), CLON Ceres ID no. 998865 (SEQ ID NO: 602), GI Público ID no. 125556140 (SEQ ID NO: 603), GI Público ID no. 125534482 (SEQ ID NO: 604), GI Público ID no. 125550135 (SEQ ID NO: 605), CLON Ceres ID no. 639816 (SEQ ID NO: 607), GI Público ID no. 125562170 (SEQ ID NO: 608), CLON Ceres ID no. 1797059 (SEQ ID NO: 610), CLON Ceres ID no. 1031510 (SEQ ID NO: 612), CLON Ceres ID no. 1973081 (SEQ ID NO: 614), GI Público ID no. 125561002 (SEQ ID NO: 615), GI Público ID no. 125541732 (SEQ ID NO: 616), GI Público ID no. 125560677 (SEQ ID NO: 617), GI Público ID no. 125559115 (SEQ ID NO: 618), GI Público ID no. 15809903 (SEQ ID NO: 619), GI Público ID no. 30681703 (SEQ ID NO: 620), GI Público ID no. 9759556 (SEQ ID NO: 621), ANOT Ceres ID no. 1448303 (SEQ ID NO: 625), ANOT Ceres ID no. 1448305 (SEQ ID

5 NO: 629), ANOT Ceres ID no. 1448307 (SEQ ID NO: 631), GI Público ID no. 92888243 (SEQ ID NO: 635), GI Público ID no. 92879395 (SEQ ID NO: 636), CLON Ceres ID no. 528876 (SEQ ID NO: 638), ANOT Ceres ID no. 1448352 (SEQ ID NO: 640), ANOT Ceres ID no. 1437745 (SEQ ID NO: 642), ANOT Ceres ID no. 1464146 (SEQ ID NO: 644), ANOT Ceres ID no. 1437744 (SEQ ID NO: 646), GI Público ID no. 92894684 (SEQ ID NO: 647), CLON Ceres ID no. 3964 (SEQ ID NO: 650), GI Público ID no. 13272389 (SEQ ID NO: 651), ANOT Ceres ID no. 1481203 (SEQ ID NO: 653), GI Público ID no. 15227699 (SEQ ID NO: 654), GI Público ID no. 92886084 (SEQ ID NO: 655), GI Público ID no. 15239947 (SEQ ID NO: 656), CLON Ceres ID no. 34878 (SEQ ID NO: 658), CLON Ceres ID no. 150484 (SEQ ID NO: 660), GI Público ID no. 21553545 (SEQ ID NO: 661), GI Público ID no. 15222843 (SEQ ID NO: 662), GI Público ID no. 38230552 (SEQ ID NO: 663), GI Público ID no. 3420008 (SEQ ID NO: 664), GI Público ID no. 15230602 (SEQ ID NO: 665), GI Público ID no. 3420004 (SEQ ID NO: 666), GI Público ID no. 2129586 (SEQ ID NO: 667), GI Público ID no. 15217849 (SEQ ID NO: 668), GI Público ID no. 15227704 (SEQ ID NO: 669), ANOT Ceres ID no. 1465750 (SEQ ID NO: 671), CLON Ceres ID no. 1983975 (SEQ ID NO: 673), GI Público ID no. 15226028 (SEQ ID NO: 675), GI Público ID no. 115459524 (SEQ ID NO: 676), CLON Ceres ID no. 1793353 (SEQ ID NO: 678), ANOT Ceres ID no. 1467399 (SEQ ID NO: 680), CLON Ceres ID no. 1982930 (SEQ ID NO: 684), GI Público ID no. 125540700 (SEQ ID NO: 685), ANOT Ceres ID no. 1448743 (SEQ ID NO: 687), GI Público ID no. 50251910 (SEQ ID NO: 688), CLON Ceres ID no. 1836748 (SEQ ID NO: 690), GI Público ID no. 3420006 (SEQ ID NO: 691), GI Público ID no. 92879376 (SEQ ID NO: 692), CLON Ceres ID no. 838941 (SEQ ID NO: 694), ANOT Ceres ID no. 1437746 (SEQ ID NO: 696), ANOT Ceres ID no. 6017241 (SEQ ID NO: 698), ANOT Ceres ID no. 6085947 (SEQ ID NO: 700), y ANOT Ceres ID no. 6017242 (SEQ ID NO: 702). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 590 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 590.

25 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 705 se proporcionan en la Figura 5 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen GI Público ID no. 79320952 (SEQ ID NO: 706) y GI Público ID no. 79320957 (SEQ ID NO: 707). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 705 incluyen GI Público ID no. 6692094 (SEQ ID NO: 708) y GI Público ID no. 145323049 (SEQ ID NO: 709). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 705 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 705.

30 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 711 se proporcionan en la Figura 6 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 964616 (SEQ ID NO: 714), CLON Ceres ID no. 100009667 (SEQ ID NO: 715), ANOT Ceres ID no. 1444568 (SEQ ID NO: 719), CLON Ceres ID no. 719489 (SEQ ID NO: 725), CLON Ceres ID no. 587748 (SEQ ID NO: 733), GI Público ID no. 125528114 (SEQ ID NO: 734), y CLON Ceres ID no. 274172 (SEQ ID NO: 737). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 711 incluyen GI Público ID no. 144923134 (SEQ ID NO: 712), ANOT Ceres ID no. 1471437 (SEQ ID NO: 717), CLON Ceres ID no. 1270484 (SEQ ID NO: 721), CLON Ceres ID no. 1075098 (SEQ ID NO: 723), GI Público ID no. 18412211 (SEQ ID NO: 727), CLON Ceres ID no. 20358 (SEQ ID NO: 729), CLON Ceres ID no. 1915503 (SEQ ID NO: 731), GI Público ID no. 115440619 (SEQ ID NO: 735), GI Público ID no. 125572387 (SEQ ID NO: 738), y ANOT Ceres ID no. 6015812 (SEQ ID NO: 740). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 711 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 711.

45 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 742 se proporcionan en la Figura 7 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen GI Público ID no. 147783026 (SEQ ID NO: 743), GI Público ID no. 119367488 (SEQ ID NO: 744), GI Público ID no. 147860340 (SEQ ID NO: 745), GI Público ID no. 115477170 (SEQ ID NO: 757), CLON Ceres ID no. 1620215 (SEQ ID NO: 759), CLON Ceres ID no. 1931889 (SEQ ID NO: 761), CLON Ceres ID no. 1798756 (SEQ ID NO: 763), CLON Ceres ID no. 1918424 (SEQ ID NO: 767), CLON Ceres ID no. 1845154 (SEQ ID NO: 771), GI Público ID no. 38016527 (SEQ ID NO: 796), CLON Ceres ID no. 1084216 (SEQ ID NO: 797), GI Público ID no. 113196593 (SEQ ID NO: 798), GI Público ID no. 75133829 (SEQ ID NO: 799), ANOT Ceres ID no. 1460527 (SEQ ID NO: 801), Anot Ceres ID no. 8644540 (SEQ ID NO: 805), ANOT Ceres ID no. 1450673 (SEQ ID NO: 807), GI Público ID no. 116778802 (SEQ ID NO: 808), GI Público ID no. 116778893 (SEQ ID NO: 809), GI Público ID no. 116778998 (SEQ ID NO: 810), GI Público ID no. 157849766 (SEQ ID NO: 811), GI Público ID no. 159474166 (SEQ ID NO: 812), GI Público ID no. 168036656 (SEQ ID NO: 813), ANOT Ceres ID no. 1456578 (SEQ ID NO: 815), GI Público ID no. 168053490 (SEQ ID NO: 816), GI Público ID no. 193237563 (SEQ ID NO: 817), CLON Ceres ID no. 100879386 (SEQ ID NO: 819), CLON Ceres ID no. 2055733 (SEQ ID NO: 823), CLON Ceres ID no. 2056478 (SEQ ID NO: 825), CLON Ceres ID no. 13007 (SEQ ID NO: 832), CLON Ceres ID no. 5522 (SEQ ID NO: 834), CLON Ceres ID no. 30543 (SEQ ID NO: 836), CLON Ceres ID no. 14203 (SEQ ID NO: 839), CLON Ceres ID no. 975913 (SEQ ID NO: 846), CLON Ceres ID no. 967417 (SEQ ID NO: 848), GI Público ID no. 119720772 (SEQ ID NO: 857), CLON Ceres ID no. 708446 (SEQ ID NO: 859), CLON Ceres ID no. 1614593 (SEQ ID NO: 863), CLON Ceres ID no. 2025938 (SEQ ID NO: 885), GI Público ID no. 92896423 (SEQ ID NO: 892), CLON Ceres ID no. 634261 (SEQ ID NO: 900), CLON Ceres ID no. 1387149 (SEQ ID NO: 912), CLON Ceres ID no. 1423851 (SEQ ID NO: 918), CLON Ceres ID no. 1589047 (SEQ ID NO: 939), CLON Ceres ID no. 1748922 (SEQ ID NO: 944), GI Público ID no. 5031281 (SEQ ID NO: 953), CLON

5 Ceres ID no. 1775820 (SEQ ID NO: 955), CLON Ceres ID no. 1787151 (SEQ ID NO: 957), CLON Ceres ID no. 1765871 (SEQ ID NO: 973), CLON Ceres ID no. 1990071 (SEQ ID NO: 977), GI Público ID no. 35187687 (SEQ ID NO: 988), GI Público ID no. 125556051 (SEQ ID NO: 989), GI Público ID no. 125561658 (SEQ ID NO: 990), GI Público ID no. 115468934 (SEQ ID NO: 991), GI Público ID no. 115470773 (SEQ ID NO: 992), GI Público ID no. 115444813 (SEQ ID NO: 993), GI Público ID no. 112819496 (SEQ ID NO: 999), GI Público ID no. 118424243 (SEQ ID NO: 1000), ANOT Ceres ID no. 6063957 (SEQ ID NO: 1010), GI Público ID no. 169363 (SEQ ID NO: 1215), CLON Ceres ID no. 24255 (SEQ ID NO: 1242), CLON Ceres ID no. 1030374 (SEQ ID NO: 1306), CLON Ceres ID no. 1738028 (SEQ ID NO: 1308), GI Público ID no. 115455855, (SEQ ID NO: 1309), y GI Público ID no. 193237563 (SEQ ID NO: 1310). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 742 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 742.

15 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 1012 se proporcionan en la Figura 8 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 287430 (SEQ ID NO: 1018), ANOT Ceres ID no. 451889 (SEQ ID NO: 1020), CLON Ceres ID no. 936084 (SEQ ID NO: 1055), CLON Ceres ID no. 1792501 (SEQ ID NO: 1066), ANOT Ceres ID no. 1437875 (SEQ ID NO: 1068), GI Público ID no. 1853968 (SEQ ID NO: 1093), GI Público ID no. 27530032 (SEQ ID NO: 1094), CLON Ceres ID no. 1834483 (SEQ ID NO: 1110), GI Público ID no. 84579418 (SEQ ID NO: 1113), GI Público ID no. 15077030 (SEQ ID NO: 1117), y GI Público ID no. 13752458 (SEQ ID NO: 1118). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 1012 incluyen GI Público ID no. 147865685 (SEQ ID NO: 1013), GI Público ID no. 119503368 (SEQ ID NO: 1014), GI Público ID no. 72161874 (SEQ ID NO: 1015), GI Público ID no. 91780661 (SEQ ID NO: 1016), ANOT Ceres ID no. 835908 (SEQ ID NO: 1022), GI Público ID no. 38326750 (SEQ ID NO: 1023), CLON Ceres ID no. 1939396 (SEQ ID NO: 1025), CLON Ceres ID no. 403637 (SEQ ID NO: 1027), GI Público ID no. 42539907 (SEQ ID NO: 1028), CLON Ceres ID no. 1836494 (SEQ ID NO: 1030), GI Público ID no. 15192945 (SEQ ID NO: 1031), CLON Ceres ID no. 1607947 (SEQ ID NO: 1033), CLON Ceres ID no. 115880 (SEQ ID NO: 1035), CLON Ceres ID no. 1074009 (SEQ ID NO: 1037), CLON Ceres ID no. 476073 (SEQ ID NO: 1039), CLON Ceres ID no. 554053 (SEQ ID NO: 1041), CLON Ceres ID no. 391449 (SEQ ID NO: 1045), CLON Ceres ID no. 1846400 (SEQ ID NO: 1048), ANOT Ceres ID no. 1475185 (SEQ ID NO: 1050), GI Público ID no. 115457148 (SEQ ID NO: 1051), ANOT Ceres ID no. 1454960 (SEQ ID NO: 1053), GI Público ID no. 50346893 (SEQ ID NO: 1056), CLON Ceres ID no. 1931526 (SEQ ID NO: 1058), ANOT Ceres ID no. 1454260 (SEQ ID NO: 1061), GI Público ID no. 115456131 (SEQ ID NO: 1062), CLON Ceres ID no. 159151 (SEQ ID NO: 1064), CLON Ceres ID no. 1842801 (SEQ ID NO: 1071), CLON Ceres ID no. 533030 (SEQ ID NO: 1073), CLON Ceres ID no. 1931881 (SEQ ID NO: 1075), ANOT Ceres ID no. 1480006 (SEQ ID NO: 1077), CLON Ceres ID no. 1895007 (SEQ ID NO: 1079), GI Público ID no. 3598863 (SEQ ID NO: 1080), ANOT Ceres ID no. 1471735 (SEQ ID NO: 1082), CLON Ceres ID no. 1937530 (SEQ ID NO: 1084), CLON Ceres ID no. 1833050 (SEQ ID NO: 1086), CLON Ceres ID no. 644213 (SEQ ID NO: 1088), CLON Ceres ID no. 568154 (SEQ ID NO: 1090), CLON Ceres ID no. 527598 (SEQ ID NO: 1092), ANOT Ceres ID no. 1487614 (SEQ ID NO: 1096), ANOT Ceres ID no. 1541881 (SEQ ID NO: 1098), ANOT Ceres ID no. 1488465 (SEQ ID NO: 1100), ANOT Ceres ID no. 1488468 (SEQ ID NO: 1102), ANOT Ceres ID no. 1541884 (SEQ ID NO: 1104), ANOT Ceres ID no. 1454972 (SEQ ID NO: 1106), ANOT Ceres ID no. 1475186 (SEQ ID NO: 1108), CLON Ceres ID no. 686198 (SEQ ID NO: 1112), GI Público ID no. 84579420 (SEQ ID NO: 1114), CLON Ceres ID no. 605144 (SEQ ID NO: 1116), GI Público ID no. 15077028 (SEQ ID NO: 1119), ANOT Ceres ID no. 1454963 (SEQ ID NO: 1121), ANOT Ceres ID no. 6030208 (SEQ ID NO: 1123), y ANOT Ceres ID no. 6076767 (SEQ ID NO: 1125). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 1012 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 1012.

50 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 1129 se proporcionan en la Figura 9 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen GI Público ID no. 72255610 (SEQ ID NO: 933), LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME20095 (SEQ ID NO: 1129), CLON Ceres ID no. 1562633 (SEQ ID NO: 1140), ANOT Ceres ID no. 1692728 (SEQ ID NO: 1142), CLON Ceres ID no. 921110 (SEQ ID NO: 1144), CLON Ceres ID no. 1791180 (SEQ ID NO: 1146), CLON Ceres ID no. 527891 (SEQ ID NO: 1148), ANOT Ceres ID no. 1522414 (SEQ ID NO: 1150), y GI Público ID no. 51458330 (SEQ ID NO: 1182). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 1129 incluyen GI Público ID no. 18399940 (SEQ ID NO: 63), ANOT Ceres ID no. 6107929 (SEQ ID NO: 73), ANOT Ceres ID no. 1473094 (SEQ ID NO: 96), ANOT Ceres ID no. 1503955 (SEQ ID NO: 127), ANOT Ceres ID no. 1526501 (SEQ ID NO: 139), GI Público ID no. 15235713 (SEQ ID NO: 179), GI Público ID no. 15234552 (SEQ ID NO: 180), ANOT Ceres ID no. 1520801 (SEQ ID NO: 209), ANOT Ceres ID no. 1443434 (SEQ ID NO: 467), GI Público ID no. 30696058 (SEQ ID NO: 559), ANOT Ceres ID no. 1509601 (SEQ ID NO: 648), ANOT Ceres ID no. 1451912 (SEQ ID NO: 726), ANOT Ceres ID no. 6017545 (SEQ ID NO: 741), ANOT Ceres ID no. 1504999 (SEQ ID NO: 765), ANOT Ceres ID no. 1456402 (SEQ ID NO: 773), ANOT Ceres ID no. 1496359 (SEQ ID NO: 781), ANOT Ceres ID no. 1447260 (SEQ ID NO: 842), ANOT Ceres ID no. 1469023 (SEQ ID NO: 861), ANOT Ceres ID no. 1474186 (SEQ ID NO: 865), ANOT Ceres ID no. 1527596 (SEQ ID NO: 867), CLON Ceres ID no. 1919624 (SEQ ID NO: 896), CLON Ceres ID no. 677797 (SEQ ID NO: 916), GI Público ID no. 7960729 (SEQ ID NO: 932), CLON Ceres ID no. 941845 (SEQ ID NO: 1043), GI Público ID no. 30683008 (SEQ ID NO: 1046), GI Público ID no. 42568786 (SEQ ID NO: 1059), CLON Ceres ID no. 255364 (SEQ ID NO: 1069), GI Público ID no. 147771549 (SEQ ID NO: 1130), GI Público ID no. 144924741 (SEQ ID NO: 1131), GI

5 Público ID no. 121594508 (SEQ ID NO: 1132), GI Público ID no. 91202290 (SEQ ID NO: 1133), GI Público ID no. 89900939 (SEQ ID NO: 1134), GI Público ID no. 77917672 (SEQ ID NO: 1135), GI Público ID no. 77165252 (SEQ ID NO: 1136), GI Público ID no. 115375374 (SEQ ID NO: 1137), GI Público ID no. 110602449 (SEQ ID NO: 1138), GI Público ID no. 125540573 (SEQ ID NO: 1151), GI Público ID no. 125561519 (SEQ ID NO: 1152), GI Público ID no. 125528345 (SEQ ID NO: 1153), GI Público ID no. 116310408 (SEQ ID NO: 1154), GI Público ID no. 115483332 (SEQ ID NO: 1156), GI Público ID no. 125575640 (SEQ ID NO: 1157), GI Público ID no. 115476368 (SEQ ID NO: 1158), GI Público ID no. 115478841 (SEQ ID NO: 1159), GI Público ID no. 115467158 (SEQ ID NO: 1160), GI Público ID no. 72384477 (SEQ ID NO: 1161), GI Público ID no. 116054703 (SEQ ID NO: 1162), CLON Ceres ID no. 1786317 (SEQ ID NO: 1164), CLON Ceres ID no. 1791336 (SEQ ID NO: 1166), CLON Ceres ID no. 1877752 (SEQ ID NO: 1168), CLON Ceres ID no. 1821191 (SEQ ID NO: 1170), CLON Ceres ID no. 446838 (SEQ ID NO: 1172), CLON Ceres ID no. 1556915 (SEQ ID NO: 1174), GI Público ID no. 90200725 (SEQ ID NO: 1175), CLON Ceres ID no. 1580247 (SEQ ID NO: 1177), CLON Ceres ID no. 644201 (SEQ ID NO: 1179), CLON Ceres ID no. 538689 (SEQ ID NO: 1181), CLON Ceres ID no. 817225 (SEQ ID NO: 1184), y CLON Ceres ID no. 923842 (SEQ ID NO: 1186). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 1129 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 1129.

20 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 60 se proporcionan en la Figura 10 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 872030 (SEQ ID NO: 62), CLON Ceres ID no. 100029223 (SEQ ID NO: 74), CLON Ceres ID no. 1939845 (SEQ ID NO: 98), CLON Ceres ID no. 2015383 (SEQ ID NO: 102), CLON Ceres ID no. 1607893 (SEQ ID NO: 104), CLON Ceres ID no. 1075133 (SEQ ID NO: 152), y CLON Ceres ID no. 1218065 (SEQ ID NO: 915). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 60 incluyen GI Público ID no. 15227919 (SEQ ID NO: 64), GI Público ID no. 9843641 (SEQ ID NO: 65), GI Público ID no. 124294789 (SEQ ID NO: 66), GI Público ID no. 15233446 (SEQ ID NO: 67), GI Público ID no. 115477679 (SEQ ID NO: 68), GI Público ID no. 42407552 (SEQ ID NO: 69), GI Público ID no. 125562450 (SEQ ID NO: 70), GI Público ID no. 115469980 (SEQ ID NO: 71), ANOT Ceres ID no. 1442539 (SEQ ID NO: 76), ANOT Ceres ID no. 1442538 (SEQ ID NO: 78), ANOT Ceres ID no. 1460661 (SEQ ID NO: 80), ANOT Ceres ID no. 1452884 (SEQ ID NO: 82), ANOT Ceres ID no. 1450523 (SEQ ID NO: 84), ANOT Ceres ID no. 1442257 (SEQ ID NO: 86), ANOT Ceres ID no. 1541121 (SEQ ID NO: 88), ANOT Ceres ID no. 1480481 (SEQ ID NO: 90), ANOT Ceres ID no. 1487713 (SEQ ID NO: 92), ANOT Ceres ID no. 1456204 (SEQ ID NO: 94), CLON Ceres ID no. 1387402 (SEQ ID NO: 100), CLON Ceres ID no. 972919 (SEQ ID NO: 106), CLON Ceres ID no. 1645860 (SEQ ID NO: 108), CLON Ceres ID no. 1042804 (SEQ ID NO: 110), CLON Ceres ID no. 1606678 (SEQ ID NO: 112), CLON Ceres ID no. 684496 (SEQ ID NO: 114), CLON Ceres ID no. 1062366 (SEQ ID NO: 116), CLON Ceres ID no. 1722931 (SEQ ID NO: 118), CLON Ceres ID no. 746169 (SEQ ID NO: 120), CLON Ceres ID no. 1050475 (SEQ ID NO: 122), CLON Ceres ID no. 1728904 (SEQ ID NO: 124), CLON Ceres ID no. 1698538 (SEQ ID NO: 126), CLON Ceres ID no. 1762328 (SEQ ID NO: 130), CLON Ceres ID no. 1590072 (SEQ ID NO: 132), CLON Ceres ID no. 471593 (SEQ ID NO: 134), CLON Ceres ID no. 1031667 (SEQ ID NO: 136), CLON Ceres ID no. 1826085 (SEQ ID NO: 138), CLON Ceres ID no. 373932 (SEQ ID NO: 142), CLON Ceres ID no. 1797836 (SEQ ID NO: 144), CLON Ceres ID no. 1102774 (SEQ ID NO: 146), CLON Ceres ID no. 842287 (SEQ ID NO: 148), CLON Ceres ID no. 568205 (SEQ ID NO: 150), ANOT Ceres ID no. 6108997 (SEQ ID NO: 154), ANOT Ceres ID no. 6023609 (SEQ ID NO: 156), y ANOT Ceres ID no. 6017906 (SEQ ID NO: 158). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 60 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 60.

45 Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 364 se proporcionan en la Figura 11 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen ANOT Ceres ID no. 1455221 (SEQ ID NO: 407), GI Público ID no. 729774 (SEQ ID NO: 408), CLON Ceres ID no. 1414288 (SEQ ID NO: 410), GI Público ID no. 115482048 (SEQ ID NO: 413), y GI Público ID no. 56117815 (SEQ ID NO: 421). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 364 incluyen ANOT Ceres ID no. 1485538 (SEQ ID NO: 366), ANOT Ceres ID no. 1538505 (SEQ ID NO: 368), GI Público ID no. 8347238 (SEQ ID NO: 369), GI Público ID no. 125542955 (SEQ ID NO: 370), GI Público ID no. 115446219 (SEQ ID NO: 371), CLON Ceres ID no. 1597127 (SEQ ID NO: 373), CLON Ceres ID no. 1584568 (SEQ ID NO: 375), CLON Ceres ID no. 286056 (SEQ ID NO: 377), ANOT Ceres ID no. 1543432 (SEQ ID NO: 379), CLON Ceres ID no. 1728062 (SEQ ID NO: 381), ANOT Ceres ID no. 1448950 (SEQ ID NO: 383), CLON Ceres ID no. 771500 (SEQ ID NO: 385), ANOT Ceres ID no. 1485096 (SEQ ID NO: 387), CLON Ceres ID no. 1646104 (SEQ ID NO: 389), GI Público ID no. 111184724 (SEQ ID NO: 390), CLON Ceres ID no. 1362475 (SEQ ID NO: 392), CLON Ceres ID no. 597906 (SEQ ID NO: 394), CLON Ceres ID no. 615781 (SEQ ID NO: 396), CLON Ceres ID no. 538713 (SEQ ID NO: 398), CLON Ceres ID no. 1794141 (SEQ ID NO: 400), GI Público ID no. 5821138 (SEQ ID NO: 401), GI Público ID no. 886742 (SEQ ID NO: 402), CLON Ceres ID no. 1814498 (SEQ ID NO: 404), GI Público ID no. 7158882 (SEQ ID NO: 405), ANOT Ceres ID no. 1452564 (SEQ ID NO: 412), GI Público ID no. 125557431 (SEQ ID NO: 414), ANOT Ceres ID no. 1442880 (SEQ ID NO: 416), ANOT Ceres ID no. 1463437 (SEQ ID NO: 418), GI Público ID no. 42415865 (SEQ ID NO: 419), GI Público ID no. 33087081 (SEQ ID NO: 420), GI Público ID no. 115521217 (SEQ ID NO: 422), GI Público ID no. 115521211 (SEQ ID NO: 423), GI Público ID no. 115521215 (SEQ ID NO: 424), ANOT Ceres ID no. 1454376 (SEQ ID NO: 426), CLON Ceres ID no. 835571 (SEQ ID NO: 428), ANOT Ceres ID no. 1500046 (SEQ ID NO: 430), GI Público ID no. 110738569 (SEQ ID NO: 431), GI Público ID no. 125542510 (SEQ ID NO: 432), GI Público ID no. 30686034 (SEQ ID NO: 434).

NO: 433), GI Público ID no. 125570883 (SEQ ID NO: 434), GI Público ID no. 42562463 (SEQ ID NO: 435), CLON Ceres ID no. 100043265 (SEQ ID NO: 436), ANOT Ceres ID no. 6089790 (SEQ ID NO: 438), y ANOT Ceres ID no. 6043635 (SEQ ID NO: 440). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 364 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 364.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 311 se proporcionan en la Figura 12 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen ANOT Ceres ID no. 1538958 (SEQ ID NO: 319), GI Público ID no. 115521213 (SEQ ID NO: 320), GI Público ID no. 42415865 (SEQ ID NO: 321), GI Público ID no. 729775 (SEQ ID NO: 322), GI Público ID no. 11386827 (SEQ ID NO: 323), GI Público ID no. 115456675 (SEQ ID NO: 326), y GI Público ID no. 89274218 (SEQ ID NO: 335). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 311 incluyen GI Público ID no. 125546035 (SEQ ID NO: 312), CLON Ceres ID no. 125228 (SEQ ID NO: 314), GI Público ID no. 115465055 (SEQ ID NO: 315), GI Público ID no. 125553080 (SEQ ID NO: 316), GI Público ID no. 8920606 (SEQ ID NO: 317), CLON Ceres ID no. 1919643 (SEQ ID NO: 325), GI Público ID no. 429155 (SEQ ID NO: 327), CLON Ceres ID no. 1194199 (SEQ ID NO: 329), GI Público ID no. 15236631 (SEQ ID NO: 330), ANOT Ceres ID no. 1523420 (SEQ ID NO: 332), ANOT Ceres ID no. 1447046 (SEQ ID NO: 334), GI Público ID no. 25296101 (SEQ ID NO: 336), GI Público ID no. 15228440 (SEQ ID NO: 337), GI Público ID no. 6624612 (SEQ ID NO: 338), GI Público ID no. 125588688 (SEQ ID NO: 339), GI Público ID no. 115470859 (SEQ ID NO: 340), GI Público ID no. 15228865 (SEQ ID NO: 341), CLON Ceres ID no. 1571069 (SEQ ID NO: 343), GI Público ID no. 115455903 (SEQ ID NO: 344), ANOT Ceres ID no. 1459422 (SEQ ID NO: 346), CLON Ceres ID no. 1577511 (SEQ ID NO: 348), GI Público ID no. 115451657 (SEQ ID NO: 349), GI Público ID no. 15225255 (SEQ ID NO: 350), GI Público ID no. 125545695 (SEQ ID NO: 351), ANOT Ceres ID no. 1471817 (SEQ ID NO: 353), ANOT Ceres ID no. 1440896 (SEQ ID NO: 355), GI Público ID no. 119393868 (SEQ ID NO: 356), ANOT Ceres ID no. 1517025 (SEQ ID NO: 358), ANOT Ceres ID no. 1512410 (SEQ ID NO: 360), y ANOT Ceres ID no. 6035498 (SEQ ID NO: 362). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 311 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 311.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 160 se proporcionan en la Figura 13 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 1837065 (SEQ ID NO: 162), ANOT Ceres ID no. 1531178 (SEQ ID NO: 184), CLON Ceres ID no. 470694 (SEQ ID NO: 242), GI Público ID no. 92867368 (SEQ ID NO: 253), CLON Ceres ID no. 859707 (SEQ ID NO: 256), CLON Ceres ID no. 392275 (SEQ ID NO: 268), CLON Ceres ID no. 1828394 (SEQ ID NO: 282), y GI Público ID no. 115466694 (SEQ ID NO: 294). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 160 incluyen CLON Ceres ID no. 1895763 (SEQ ID NO: 164), CLON Ceres ID no. 1850460 (SEQ ID NO: 166), CLON Ceres ID no. 1808074 (SEQ ID NO: 168), CLON Ceres ID no. 1832882 (SEQ ID NO: 170), CLON Ceres ID no. 1978977 (SEQ ID NO: 172), CLON Ceres ID no. 1918742 (SEQ ID NO: 174), CLON Ceres ID no. 1940023 (SEQ ID NO: 176), CLON Ceres ID no. 1923495 (SEQ ID NO: 178), CLON Ceres ID no. 1851388 (SEQ ID NO: 182), ANOT Ceres ID no. 1477681 (SEQ ID NO: 186), ANOT Ceres ID no. 1508800 (SEQ ID NO: 188), ANOT Ceres ID no. 1455597 (SEQ ID NO: 190), ANOT Ceres ID no. 1532016 (SEQ ID NO: 192), ANOT Ceres ID no. 1478526 (SEQ ID NO: 194), ANOT Ceres ID no. 1492567 (SEQ ID NO: 196), ANOT Ceres ID no. 1515273 (SEQ ID NO: 198), ANOT Ceres ID no. 1461979 (SEQ ID NO: 200), ANOT Ceres ID no. 1439702 (SEQ ID NO: 202), ANOT Ceres ID no. 1448044 (SEQ ID NO: 204), ANOT Ceres ID no. 1483370 (SEQ ID NO: 206), ANOT Ceres ID no. 1445651 (SEQ ID NO: 208), ANOT Ceres ID no. 1490863 (SEQ ID NO: 212), ANOT Ceres ID no. 1501043 (SEQ ID NO: 214), ANOT Ceres ID no. 1527507 (SEQ ID NO: 216), ANOT Ceres ID no. 1498633 (SEQ ID NO: 218), ANOT Ceres ID no. 1465403 (SEQ ID NO: 220), ANOT Ceres ID no. 1510956 (SEQ ID NO: 222), ANOT Ceres ID no. 1457735 (SEQ ID NO: 224), GI Público ID no. 15224711 (SEQ ID NO: 225), CLON Ceres ID no. 40062 (SEQ ID NO: 228), GI Público ID no. 15220315 (SEQ ID NO: 229), CLON Ceres ID no. 36480 (SEQ ID NO: 231), CLON Ceres ID no. 2443 (SEQ ID NO: 233), GI Público ID no. 30685375 (SEQ ID NO: 234), GI Público ID no. 126009434 (SEQ ID NO: 235), CLON Ceres ID no. 965753 (SEQ ID NO: 237), CLON Ceres ID no. 948834 (SEQ ID NO: 239), GI Público ID no. 33347409 (SEQ ID NO: 240), CLON Ceres ID no. 643614 (SEQ ID NO: 244), CLON Ceres ID no. 1049362 (SEQ ID NO: 246), CLON Ceres ID no. 546675 (SEQ ID NO: 248), CLON Ceres ID no. 522046 (SEQ ID NO: 250), CLON Ceres ID no. 651076 (SEQ ID NO: 252), GI Público ID no. 92897590 (SEQ ID NO: 254), CLON Ceres ID no. 634176 (SEQ ID NO: 258), CLON Ceres ID no. 1041432 (SEQ ID NO: 260), CLON Ceres ID no. 1065203 (SEQ ID NO: 262), CLON Ceres ID no. 555361 (SEQ ID NO: 264), CLON Ceres ID no. 704227 (SEQ ID NO: 266), CLON Ceres ID no. 100819945 (SEQ ID NO: 269), CLON Ceres ID no. 282584 (SEQ ID NO: 271), CLON Ceres ID no. 1448469 (SEQ ID NO: 273), CLON Ceres ID no. 241246 (SEQ ID NO: 275), CLON Ceres ID no. 234443 (SEQ ID NO: 277), CLON Ceres ID no. 293549 (SEQ ID NO: 279), GI Público ID no. 109450926 (SEQ ID NO: 280), CLON Ceres ID no. 1803923 (SEQ ID NO: 284), CLON Ceres ID no. 2024557 (SEQ ID NO: 286), CLON Ceres ID no. 1820364 (SEQ ID NO: 288), GI Público ID no. 125554274 (SEQ ID NO: 289), GI Público ID no. 125531165 (SEQ ID NO: 290), GI Público ID no. 125541514 (SEQ ID NO: 291), GI Público ID no. 125557559 (SEQ ID NO: 292), GI Público ID no. 125557844 (SEQ ID NO: 293), GI Público ID no. 115449295 (SEQ ID NO: 295), GI Público ID no. 115481182 (SEQ ID NO: 296), GI Público ID no. 20177639 (SEQ ID NO: 297), GI Público ID no. 115471021 (SEQ ID NO: 298), GI Público ID no. 115456011 (SEQ ID NO: 299), GI Público ID no. 125588290 (SEQ ID NO: 300), GI Público ID no. 115477799 (SEQ ID NO: 301), GI Público ID no.

115471385 (SEQ ID NO: 302), GI Público ID no. 125599705 (SEQ ID NO: 303), GI Público ID no. 115489810 (SEQ ID NO: 304), GI Público ID no. 55276718 (SEQ ID NO: 305), ANOT Ceres ID no. 6025568 (SEQ ID NO: 307), y ANOT Ceres ID no. 6091128 (SEQ ID NO: 309). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 160 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 160.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 2 se proporcionan en la Figura 14 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen GI Público ID no. 115470807 (SEQ ID NO: 5), CLON Ceres ID no. 1842931 (SEQ ID NO: 15), CLON Ceres ID no. 321308 (SEQ ID NO: 17), CLON Ceres ID no. 1725811 (SEQ ID NO: 19), CLON Ceres ID no. 1357455 (SEQ ID NO: 21), CLON Ceres ID no. 943370 (SEQ ID NO: 23), CLON Ceres ID no. 1327712 (SEQ ID NO: 25), CLON Ceres ID no. 1764692 (SEQ ID NO: 27), y ANOT Ceres ID no. 1512656 (SEQ ID NO: 41). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 2 incluyen GI Público ID no. 18403425 (SEQ ID NO: 3), GI Público ID no. 11994285 (SEQ ID NO: 4), GI Público ID no. 108706298 (SEQ ID NO: 6), GI Público ID no. 15233585 (SEQ ID NO: 7), GI Público ID no. 125599279 (SEQ ID NO: 8), GI Público ID no. 115450865 (SEQ ID NO: 9), GI Público ID no. 22773244 (SEQ ID NO: 10), GI Público ID no. 92874749 (SEQ ID NO: 11), CLON Ceres ID no. 1857034 (SEQ ID NO: 13), CLON Ceres ID no. 1059300 (SEQ ID NO: 29), CLON Ceres ID no. 1804869 (SEQ ID NO: 31), CLON Ceres ID no. 378863 (SEQ ID NO: 33), CLON Ceres ID no. 1930271 (SEQ ID NO: 35), CLON Ceres ID no. 2034728 (SEQ ID NO: 37), CLON Ceres ID no. 1866421 (SEQ ID NO: 39), ANOT Ceres ID no. 1463492 (SEQ ID NO: 43), ANOT Ceres ID no. 1459391 (SEQ ID NO: 45), ANOT Ceres ID no. 1442920 (SEQ ID NO: 47), ANOT Ceres ID no. 6011447 (SEQ ID NO: 49), ANOT Ceres ID no. 6068218 (SEQ ID NO: 51), ANOT Ceres ID no. 6044121 (SEQ ID NO: 53), y ANOT Ceres ID no. 6100755 (SEQ ID NO: 55). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 2 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 2.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 749 se proporcionan en la Figura 15 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen CLON Ceres ID no. 1847516 (SEQ ID NO: 1195), CLON Ceres ID no. 1961986 (SEQ ID NO: 1201), y ANOT Ceres ID no. 6091930 (SEQ ID NO: 1207). Otros homólogos funcionales de SEQ ID NO: 749 incluyen CLON Ceres ID no. 2025938 (SEQ ID NO: 885), CLON Ceres ID no. 1821214 (SEQ ID NO: 1189), CLON Ceres ID no. 1040399 (SEQ ID NO: 1191), CLON Ceres ID no. 1093691 (SEQ ID NO: 1193), CLON Ceres ID no. 974539 (SEQ ID NO: 1197), CLON Ceres ID no. 1832340 (SEQ ID NO: 1199), CLON Ceres ID no. 1933211 (SEQ ID NO: 1203), CLON Ceres ID no. 997558 (SEQ ID NO: 1205), ANOT Ceres ID no. 6041596 (SEQ ID NO: 1209), GI Público ID no. 125564176 (SEQ ID NO: 1210), CLON Ceres ID no. 1836064 (SEQ ID NO: 1212), CLON Ceres ID no. 1909693 (SEQ ID NO: 1214), GI Público ID no. 40287480 (SEQ ID NO: 1216), CLON Ceres ID no. 1765346 (SEQ ID NO: 1218), GI Público ID no. 125546008 (SEQ ID NO: 1219), CLON Ceres ID no. 1950900 (SEQ ID NO: 1221), GI Público ID no. 41350259 (SEQ ID NO: 1222), GI Público ID no. 125588210 (SEQ ID NO: 1223), CLON Ceres ID no. 1954395 (SEQ ID NO: 1225), GI Público ID no. 18403408 (SEQ ID NO: 1226), CLON Ceres ID no. 2010121 (SEQ ID NO: 1228), ANOT Ceres ID no. 6011486 (SEQ ID NO: 1230), GI Público ID no. 25082726 (SEQ ID NO: 1231), GI Público ID no. 113196593 (SEQ ID NO: 1232), CLON Ceres ID no. 1843021 (SEQ ID NO: 1234), CLON Ceres ID no. 1931194 (SEQ ID NO: 1236), CLON Ceres ID no. 1652996 (SEQ ID NO: 1238), CLON Ceres ID no. 1930044 (SEQ ID NO: 1240), CLON Ceres ID no. 24255 (SEQ ID NO: 1242), ANOT Ceres ID no. 6034955 (SEQ ID NO: 1244), ANOT Ceres ID no. 6119444 (SEQ ID NO: 1246), ANOT Ceres ID no. 6063956 (SEQ ID NO: 1248), ANOT Ceres ID no. 6015461 (SEQ ID NO: 1250), CLON Ceres ID no. 696244 (SEQ ID NO: 1252), ANOT Ceres ID no. 1468973 (SEQ ID NO: 1254), CLON Ceres ID no. 2019529 (SEQ ID NO: 1256), y CLON Ceres ID no. 1492169 (SEQ ID NO: 1258). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 749 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 749.

Los ejemplos de secuencias de aminoácidos de homólogos funcionales del polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 1311 se proporcionan en la Figura 16 y en el listado de secuencias. Dichos homólogos funcionales incluyen ClonCeres: 971761 (SEQ ID NO: 1313), ClonCeres: 1946574 (SEQ ID NO: 1331), ClonCeres: 2055551 (SEQ ID NO: 1340), ClonCeres: 100045499 (SEQ ID NO: 1347), ClonCeres: 1465853 (SEQ ID NO: 1353), ClonCeres: 753982 (SEQ ID NO: 1360), ClonCeres: 1076093 (SEQ ID NO: 1315), ClonCeres: 1627875 (SEQ ID NO: 1317), AnotCeres: 1508362 (SEQ ID NO: 1319), AnotCeres: 1526950 (SEQ ID NO: 1321), ClonCeres: 1832333 (SEQ ID NO: 1323), GI: 74272607 (SEQ ID NO: 1324), GI: 192910782 (SEQ ID NO: 1325), GI: 157342563 (SEQ ID NO: 1326), GI: 159483497 (SEQ ID NO: 1327), ClonCeres: 1839999 (SEQ ID NO: 1329), ClonCeres: 467335 (SEQ ID NO: 1333), GI: 168010087 (SEQ ID NO: 1334), ClonCeres: 1728202 (SEQ ID NO: 1336), ClonCeres: 1994239 (SEQ ID NO: 1338), AnotCeres: 8704704 (SEQ ID NO: 1342), GI: 115453877 (SEQ ID NO: 1343), ClonCeres: 1646411 (SEQ ID NO: 1345), ClonCeres: 100920260 (SEQ ID NO: 1349), GI: 116786147 (SEQ ID NO: 1350), GI: 116783944 (SEQ ID NO: 1351), GI: 82623397 (SEQ ID NO: 1354), AnotCeres: 8656662 (SEQ ID NO: 1356), ClonCeres: 1417803 (SEQ ID NO: 1358), y GI: 145345927 (SEQ ID NO: 1361). En algunos casos, un homólogo funcional de SEQ ID NO: 1311 tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 1311.

La identificación de regiones conservadas en un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía facilita la producción de variantes de polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía. Las variantes de polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía tienen típicamente 10 o menos sustituciones de aminoácidos conservativas en la secuencia primaria de aminoácidos, por ejemplo, 7 o menos sustituciones de aminoácidos conservativas, 5 o menos sustituciones de aminoácidos conservativas, o entre 1 y 5 sustituciones conservativas. Un polipéptido variante útil puede construirse tomando como base uno de los alineamientos mostrados en las Figuras 1-16. Dicho polipéptido incluye las regiones conservadas, organizadas en el orden representado en la Figura desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxi terminal. Dicho polipéptido también puede incluir cero, uno, o más de un aminoácido en las posiciones marcadas por guiones. Cuando no están presentes aminoácidos en las posiciones marcadas por guiones, la longitud de dicho polipéptido es la suma de los residuos de aminoácidos en todas las regiones conservadas. Cuando están presentes aminoácidos en todas las posiciones marcadas por guiones, dicho polipéptido tiene una longitud que es la suma de los residuos de aminoácidos en todas las regiones conservadas y todos los guiones.

C. Homólogos funcionales identificados por HMMER

Como se describe en la presente memoria, los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía incluyen aquellos que se ajustan a un Modelo Oculto de Markov basado en los polipéptidos mostrados en una cualquiera de las Figuras 1-16. Un Modelo Oculto de Markov (HMM) es un modelo estadístico de una secuencia consenso para un grupo de homólogos funcionales. Véase, Durbin et al., *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids*, Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido (1998). Un HMM se genera por el programa HMMER 2.3.2 con parámetros del programa por defecto, usando las secuencias del grupo de homólogos funcionales como aporte. El alineamiento de secuencias múltiples se genera por ProbCons (Do et al., *Genome Res.*, 15(2): 330-40 (2005)) versión 1.11 usando un conjunto de parámetros por defecto: -c, --consistencia REPS de 2; -ir, --refinamiento-iterativo REPS de 100; -pre, --pre-entrenamiento REPS de 0. ProbCons es un programa informático de dominio público proporcionado por Stanford University.

Los parámetros por defecto para construir un HMM (hmmbuild) son como sigue: el "architecture prior" (archpri) por defecto usado por la construcción de arquitectura MAP es 0,85, y el umbral de punto de corte (idlevel) por defecto usado para determinar el número de secuencia efectivo es 0,62. HMMER 2.3.2 se lanzó el 3 de octubre, 2003 bajo una licencia pública general GNU, y está disponible en varias fuentes en la Red de Redes ("World Wide Web") tales como hmm.janelia.org; hmm.wustl.edu; y fr.com/hmmer232/. Hmmbuild produce el modelo como un archivo de texto.

El HMM para un grupo de homólogos funcionales puede usarse para determinar la probabilidad de que una secuencia candidata de polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía sea un ajuste mejor para ese HMM particular que para un HMM nulo generado usando un grupo de secuencias que no están relacionadas estructuralmente o funcionalmente. La probabilidad de que una secuencia candidata de polipéptido sea un ajuste mejor para un HMM que para un HMM nulo se indica por la puntuación bit HMM, un número generado cuando la secuencia candidata se ajusta al perfil HMM usando el programa HMMER `hmmsearch`. Los siguientes parámetros por defecto se usan cuando se corre `hmmsearch`: el punto de corte valor E (E) por defecto es 10, el punto de corte de la puntuación bit (T) por defecto es infinito negativo, el número de secuencias en una base de datos (Z) por defecto es el número real de secuencias en la base de datos, el punto de corte del valor E por defecto para la lista de aciertos clasificada por dominio (domE) es infinito, y el punto de corte de la puntuación bit por defecto para la lista de aciertos clasificada por dominio (domT) es infinito negativo. Una alta puntuación bit HMM indica una mayor probabilidad de que la secuencia candidata lleve a cabo una o más de la función o funciones bioquímicas o fisiológicas de los polipéptidos usados para generar el HMM. Una alta puntuación bit HMM es al menos 20, y frecuentemente es mayor. Pueden ocurrir variaciones ligeras en la puntuación bit HMM de una secuencia particular debido a factores tales como el orden en el que se procesan las secuencias para alineamiento por algoritmos de alineamiento de secuencias múltiples tales como el programa ProbCons. Sin embargo, dicha variación en la puntuación bit HMM es menor.

Los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía discutidos más adelante se ajustan al HMM indicado con una puntuación bit HMM mayor de 20 (por ejemplo, mayor de 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 200, 300, 400, ó 500). Como se describe en la presente memoria, la puntuación bit HMM de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía discutido más adelante es aproximadamente 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, ó 95% de la puntuación bit HMM de un homólogo funcional proporcionado en el Listado de Secuencias. Como se describe en la presente memoria, un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía discutido más adelante se ajusta al HMM indicado con una puntuación bit HMM mayor de 20, y tiene un dominio indicativo de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía. Como se describe en la presente memoria, un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía discutido más adelante se ajusta al HMM indicado con una puntuación bit HMM mayor de 20, y tiene 70% o más de identidad de secuencia (por ejemplo, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, ó 100% de identidad de secuencia) con una secuencia de aminoácidos mostrada en una cualquiera de las Figuras 1-16.

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 270 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 1. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME00029 (SEQ ID NO: 442), GI Público ID no. 72384401 (SEQ ID NO: 443), CLON Ceres ID no. 1079382 (SEQ ID NO: 445), CLON Ceres ID no. 1853461 (SEQ ID NO: 447), CLON Ceres ID no. 1626485 (SEQ ID NO: 451), CLON Ceres ID no. 1713920 (SEQ ID NO: 459), CLON Ceres ID

no. 1772747 (SEQ ID NO: 463), CLON Ceres ID no. 225960 (SEQ ID NO: 465), GI Público ID no. 115443807 (SEQ ID NO: 470), CLON Ceres ID no. 569388 (SEQ ID NO: 483), CLON Ceres ID no. 1915549 (SEQ ID NO: 449), CLON Ceres ID no. 529871 (SEQ ID NO: 453), CLON Ceres ID no. 1067079 (SEQ ID NO: 455), CLON Ceres ID no. 1079572 (SEQ ID NO: 457), ANOT Ceres ID no. 1456550 (SEQ ID NO: 461), CLON Ceres ID no. 1437889 (SEQ ID NO: 469), CLON Ceres ID no. 2014249 (SEQ ID NO: 472), CLON Ceres ID no. 2033133 (SEQ ID NO: 474), CLON Ceres ID no. 707404 (SEQ ID NO: 476), CLON Ceres ID no. 1770680 (SEQ ID NO: 478), ANOT Ceres ID no. 1450989 (SEQ ID NO: 480), GI Público ID no. 72384445 (SEQ ID NO: 481), CLON Ceres ID no. 1059299 (SEQ ID NO: 485), y ANOT Ceres ID no. 6008086 (SEQ ID NO: 487).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 100 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 2. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME00045 (SEQ ID NO: 489), CLON Ceres ID no. 571200 (SEQ ID NO: 494), CLON Ceres ID no. 1928532 (SEQ ID NO: 496), ANOT Ceres ID no. 1490637 (SEQ ID NO: 498), CLON Ceres ID no. 295496 (SEQ ID NO: 514), GI Público ID no. 115463637 (SEQ ID NO: 515), CLON Ceres ID no. 1999444 (SEQ ID NO: 518), GI Público ID no. 147844794 (SEQ ID NO: 490), GI Público ID no. 147842279 (SEQ ID NO: 491), GI Público ID no. 145355441 (SEQ ID NO: 492), ANOT Ceres ID no. 1461381 (SEQ ID NO: 500), ANOT Ceres ID no. 1440313 (SEQ ID NO: 502), ANOT Ceres ID no. 1448275 (SEQ ID NO: 504), ANOT Ceres ID no. 1437838 (SEQ ID NO: 506), ANOT Ceres ID no. 1501275 (SEQ ID NO: 508), CLON Ceres ID no. 1644562 (SEQ ID NO: 510), CLON Ceres ID no. 1925967 (SEQ ID NO: 512), GI Público ID no. 115435904 (SEQ ID NO: 516), GI Público ID no. 125552168 (SEQ ID NO: 519), GI Público ID no. 125594093 (SEQ ID NO: 520), CLON Ceres ID no. 221188 (SEQ ID NO: 522), ANOT Ceres ID no. 1477714 (SEQ ID NO: 524), CLON Ceres ID no. 1787953 (SEQ ID NO: 526), ANOT Ceres ID no. 1531210 (SEQ ID NO: 528), CLON Ceres ID no. 521176 (SEQ ID NO: 530), GI Público ID no. 22327055 (SEQ ID NO: 531), ANOT Ceres ID no. 1508824 (SEQ ID NO: 533), CLON Ceres ID no. 38879 (SEQ ID NO: 535), GI Público ID no. 42569309 (SEQ ID NO: 536), CLON Ceres ID no. 1817784 (SEQ ID NO: 538), CLON Ceres ID no. 284637 (SEQ ID NO: 540), GI Público ID no. 125596251 (SEQ ID NO: 541), GI Público ID no. 125554300 (SEQ ID NO: 543), CLON Ceres ID no. 1935437 (SEQ ID NO: 545), ANOT Ceres ID no. 1455622 (SEQ ID NO: 547), GI Público ID no. 55771354 (SEQ ID NO: 548), ANOT Ceres ID no. 1514655 (SEQ ID NO: 550), CLON Ceres ID no. 1848736 (SEQ ID NO: 552), GI Público ID no. 125569872 (SEQ ID NO: 553), CLON Ceres ID no. 1645078 (SEQ ID NO: 555), CLON Ceres ID no. 1790573 (SEQ ID NO: 557), GI Público ID no. 4567251 (SEQ ID NO: 558), CLON Ceres ID no. 444113 (SEQ ID NO: 561), GI Público ID no. 125525355 (SEQ ID NO: 562), ANOT Ceres ID no. 6028854 (SEQ ID NO: 564), y ANOT Ceres ID no. 6115356 (SEQ ID NO: 566).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 150 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 3. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02190 (SEQ ID NO: 568), CLON Ceres ID no. 695006 (SEQ ID NO: 578), ANOT Ceres ID no. 1527488 (SEQ ID NO: 584), GI Público ID no. 79318519 (SEQ ID NO: 569), GI Público ID no. 79318537 (SEQ ID NO: 570), CLON Ceres ID no. 956998 (SEQ ID NO: 572), CLON Ceres ID no. 978154 (SEQ ID NO: 574), CLON Ceres ID no. 1035628 (SEQ ID NO: 576), CLON Ceres ID no. 464169 (SEQ ID NO: 580), ANOT Ceres ID no. 1474075 (SEQ ID NO: 582), ANOT Ceres ID no. 1474073 (SEQ ID NO: 586), y ANOT Ceres ID no. 1527486 (SEQ ID NO: 588).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 120 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 4. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02549 (SEQ ID NO: 590), ANOT Ceres ID no. 1501305 (SEQ ID NO: 623), CLON Ceres ID no. 607280 (SEQ ID NO: 627), GI Público ID no. 92887174 (SEQ ID NO: 632), CLON Ceres ID no. 1857162 (SEQ ID NO: 634), GI Público ID no. 115477272 (SEQ ID NO: 674), CLON Ceres ID no. 264002 (SEQ ID NO: 682), GI Público ID no. 147822456 (SEQ ID NO: 591), GI Público ID no. 144923935 (SEQ ID NO: 592), GI Público ID no. 140038730 (SEQ ID NO: 593), GI Público ID no. 78708014 (SEQ ID NO: 594), GI Público ID no. 115481362 (SEQ ID NO: 595), GI Público ID no. 125531350 (SEQ ID NO: 596), GI Público ID no. 125525598 (SEQ ID NO: 597), GI Público ID no. 77548630 (SEQ ID NO: 598), GI Público ID no. 46798895 (SEQ ID NO: 599), GI Público ID no. 125564653 (SEQ ID NO: 600), CLON Ceres ID no. 998865 (SEQ ID NO: 602), GI Público ID no. 125556140 (SEQ ID NO: 603), GI Público ID no. 125534482 (SEQ ID NO: 604), GI Público ID no. 125550135 (SEQ ID NO: 605), CLON Ceres ID no. 639816 (SEQ ID NO: 607), GI Público ID no. 125562170 (SEQ ID NO: 608), CLON Ceres ID no. 1797059 (SEQ ID NO: 610), CLON Ceres ID no. 1031510 (SEQ ID NO: 612), CLON Ceres ID no. 1973081 (SEQ ID NO: 614), GI Público ID no. 125561002 (SEQ ID NO: 615), GI Público ID no. 125541732 (SEQ ID NO: 616), GI Público ID no. 125560677 (SEQ ID NO: 617), GI Público ID no. 125559115 (SEQ ID NO: 618), GI Público ID no. 15809903 (SEQ ID NO: 619), GI Público ID no. 30681703 (SEQ ID NO: 620), GI Público ID no. 9759556 (SEQ ID NO: 621), ANOT Ceres ID no. 1448303 (SEQ ID NO: 625), ANOT Ceres ID no. 1448305 (SEQ ID NO: 629), ANOT Ceres ID no. 1448307 (SEQ ID NO: 631), GI Público ID no. 92888243 (SEQ ID NO: 635), GI Público ID no. 92879395 (SEQ ID NO: 636), CLON Ceres ID no. 528876 (SEQ ID NO: 638), ANOT Ceres ID no. 1448352 (SEQ ID NO: 640), ANOT Ceres ID no. 1437745 (SEQ ID NO: 642), ANOT Ceres ID no. 1464146 (SEQ ID NO: 644), ANOT Ceres ID no. 1437744 (SEQ ID NO: 646), GI Público ID no. 92894684 (SEQ ID NO: 647), CLON Ceres ID no. 3964 (SEQ ID NO: 650), GI Público ID no. 13272389 (SEQ ID NO: 651), ANOT Ceres ID no. 1481203 (SEQ ID NO: 653), GI Público ID no. 15227699 (SEQ ID NO: 654), GI Público ID no. 92886084 (SEQ ID NO: 655), GI Público ID no. 15239947 (SEQ ID NO: 656), CLON Ceres ID no. 34878 (SEQ ID NO: 658), CLON Ceres ID no. 150484 (SEQ ID NO: 660), GI Público ID no. 21553545 (SEQ ID NO: 661), GI Público ID no. 15222843

(SEQ ID NO: 662), GI Público ID no. 38230552 (SEQ ID NO: 663), GI Público ID no. 3420008 (SEQ ID NO: 664), GI Público ID no. 15230602 (SEQ ID NO: 665), GI Público ID no. 3420004 (SEQ ID NO: 666), GI Público ID no. 2129586 (SEQ ID NO: 667), GI Público ID no. 15217849 (SEQ ID NO: 668), GI Público ID no. 15227704 (SEQ ID NO: 669), ANOT Ceres ID no. 1465750 (SEQ ID NO: 671), CLON Ceres ID no. 1983975 (SEQ ID NO: 673), GI Público ID no. 15226028 (SEQ ID NO: 675), GI Público ID no. 115459524 (SEQ ID NO: 676), CLON Ceres ID no. 1793353 (SEQ ID NO: 678), ANOT Ceres ID no. 1467399 (SEQ ID NO: 680), CLON Ceres ID no. 1982930 (SEQ ID NO: 684), GI Público ID no. 125540700 (SEQ ID NO: 685), ANOT Ceres ID no. 1448743 (SEQ ID NO: 687), GI Público ID no. 50251910 (SEQ ID NO: 688), CLON Ceres ID no. 1836748 (SEQ ID NO: 690), GI Público ID no. 3420006 (SEQ ID NO: 691), GI Público ID no. 92879376 (SEQ ID NO: 692), CLON Ceres ID no. 838941 (SEQ ID NO: 694), ANOT Ceres ID no. 1437746 (SEQ ID NO: 696), ANOT Ceres ID no. 6017241 (SEQ ID NO: 698), ANOT Ceres ID no. 6085947 (SEQ ID NO: 700), y ANOT Ceres ID no. 6017242 (SEQ ID NO: 702).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 55 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 5. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02865 (SEQ ID NO: 705), GI Público ID no. 79320952 (SEQ ID NO: 706), GI Público ID no. 79320957 (SEQ ID NO: 707), GI Público ID no. 6692094 (SEQ ID NO: 708), y GI Público ID no. 145323049 (SEQ ID NO: 709).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 185 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 6. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME03227 (SEQ ID NO: 711), CLON Ceres ID no. 964616 (SEQ ID NO: 714), CLON Ceres ID no. 100009667 (SEQ ID NO: 715), ANOT Ceres ID no. 1444568 (SEQ ID NO: 719), CLON Ceres ID no. 719489 (SEQ ID NO: 725), CLON Ceres ID no. 587748 (SEQ ID NO: 733), GI Público ID no. 125528114 (SEQ ID NO: 734), CLON Ceres ID no. 274172 (SEQ ID NO: 737), GI Público ID no. 144923134 (SEQ ID NO: 712), ANOT Ceres ID no. 1471437 (SEQ ID NO: 717), CLON Ceres ID no. 1270484 (SEQ ID NO: 721), CLON Ceres ID no. 1075098 (SEQ ID NO: 723), GI Público ID no. 18412211 (SEQ ID NO: 727), CLON Ceres ID no. 20358 (SEQ ID NO: 729), CLON Ceres ID no. 1915503 (SEQ ID NO: 731), GI Público ID no. 115440619 (SEQ ID NO: 735), GI Público ID no. 125572387 (SEQ ID NO: 738), y ANOT Ceres ID no. 6015812 (SEQ ID NO: 740).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 110 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 7. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME04477 (SEQ ID NO: 742), CLON Ceres ID no. 1620215 (SEQ ID NO: 759); CLON Ceres ID no. 1798756 (SEQ ID NO: 763); GI Público ID no. 38016527 (SEQ ID NO: 796); GI Público ID no. 75133829 (SEQ ID NO: 799); ANOT Ceres ID no. 1460527 (SEQ ID NO: 801); GI Público ID no. 119720772 (SEQ ID NO: 857); CLON Ceres ID no. 708446 (SEQ ID NO: 859); GI Público ID no. 92896423 (SEQ ID NO: 892); CLON Ceres ID no. 1387149 (SEQ ID NO: 912); GI Público ID no. 5031281 (SEQ ID NO: 953); CLON Ceres ID no. 1775820 (SEQ ID NO: 955); GI Público ID no. 35187687 (SEQ ID NO: 988); GI Público ID no. 115468934 (SEQ ID NO: 991); GI Público ID no. 118424243 (SEQ ID NO: 1000); ANOT Ceres ID no. 6063957 (SEQ ID NO: 1010); GI Público ID no. 113196593 (SEQ ID NO: 798); GI Público ID no. 112819496 (SEQ ID NO: 999); GI Público ID no. 147783026 (SEQ ID NO: 743); GI Público ID no. 119367488 (SEQ ID NO: 744); GI Público ID no. 147860340 (SEQ ID NO: 745); GI Público ID no. 115477170 (SEQ ID NO: 757); CLON Ceres ID no. 1931889 (SEQ ID NO: 761); CLON Ceres ID no. 1918424 (SEQ ID NO: 767); CLON Ceres ID no. 1845154 (SEQ ID NO: 771); CLON Ceres ID no. 1084216 (SEQ ID NO: 797); ANOT Ceres ID no. 8644540 (SEQ ID NO: 805); ANOT Ceres ID no. 1450673 (SEQ ID NO: 807); GI Público ID no. 116778802 (SEQ ID NO: 808); GI Público ID no. 116778893 (SEQ ID NO: 809); y GI Público ID no. 116778998 (SEQ ID NO: 810); GI Público ID no. 157849766 (SEQ ID NO: 811); GI Público ID no. 159474166 (SEQ ID NO: 812); GI Público ID no. 168036656 (SEQ ID NO: 813); ANOT Ceres ID no. 1456578 (SEQ ID NO: 815); GI Público ID no. 168053490 (SEQ ID NO: 816); GI Público ID no. 193237563 (SEQ ID NO: 817); CLON Ceres ID no. 100879386 (SEQ ID NO: 819); CLON Ceres ID no. 2055733 (SEQ ID NO: 823); CLON Ceres ID no. 2056478 (SEQ ID NO: 825); CLON Ceres ID no. 13007 (SEQ ID NO: 832); CLON Ceres ID no. 5522 (SEQ ID NO: 834); CLON Ceres ID no. 30543 (SEQ ID NO: 836); CLON Ceres ID no. 14203 (SEQ ID NO: 839); CLON Ceres ID no. 975913 (SEQ ID NO: 846); CLON Ceres ID no. 967417 (SEQ ID NO: 848); CLON Ceres ID no. 1614593 (SEQ ID NO: 863); CLON Ceres ID no. 2025938 (SEQ ID NO: 885); CLON Ceres ID no. 634261 (SEQ ID NO: 900); CLON Ceres ID no. 1423851 (SEQ ID NO: 918); CLON Ceres ID no. 1589047 (SEQ ID NO: 939); CLON Ceres ID no. 1748922 (SEQ ID NO: 944); CLON Ceres ID no. 1787151 (SEQ ID NO: 957); CLON Ceres ID no. 1765871 (SEQ ID NO: 973); CLON Ceres ID no. 1990071 (SEQ ID NO: 977); GI Público ID no. 125556051 (SEQ ID NO: 989); GI Público ID no. 125561658 (SEQ ID NO: 990); GI Público ID no. 115470773 (SEQ ID NO: 992); GI Público ID no. 115444813 (SEQ ID NO: 993); GI ID no. 169363 (SEQ ID NO: 1215) y CLON Ceres ID no. 24255 (SEQ ID NO: 1242).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 215 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 8. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME18396 (SEQ ID NO: 1012), CLON Ceres ID no. 287430 (SEQ ID NO: 1018), ANOT Ceres ID no. 451889 (SEQ ID NO: 1020), CLON Ceres ID no. 936084 (SEQ ID NO: 1055), CLON Ceres ID no. 1792501 (SEQ ID NO: 1066), ANOT Ceres ID no. 1437875 (SEQ ID NO: 1068), GI Público ID no. 1853968 (SEQ ID NO: 1093), GI Público ID no. 27530032 (SEQ ID NO: 1094), CLON Ceres ID no. 1834483 (SEQ ID NO: 1110), GI Público ID no. 84579418 (SEQ ID NO: 1113), GI Público ID no. 15077030 (SEQ ID NO: 1117), GI Público ID no. 13752458 (SEQ ID NO: 1118), GI Público ID no. 147865685 (SEQ ID NO: 1013), GI

5 Público ID no. 119503368 (SEQ ID NO: 1014), GI Público ID no. 72161874 (SEQ ID NO: 1015), GI Público ID no. 91780661 (SEQ ID NO: 1016), ANOT Ceres ID no. 835908 (SEQ ID NO: 1022), GI Público ID no. 38326750 (SEQ ID NO: 1023), CLON Ceres ID no. 1939396 (SEQ ID NO: 1025), CLON Ceres ID no. 403637 (SEQ ID NO: 1027), GI
 10 Público ID no. 42539907 (SEQ ID NO: 1028), CLON Ceres ID no. 1836494 (SEQ ID NO: 1030), GI Público ID no. 15192945 (SEQ ID NO: 1031), CLON Ceres ID no. 1607947 (SEQ ID NO: 1033), CLON Ceres ID no. 115880 (SEQ ID NO: 1035), CLON Ceres ID no. 1074009 (SEQ ID NO: 1037), CLON Ceres ID no. 476073 (SEQ ID NO: 1039), CLON Ceres ID no. 554053 (SEQ ID NO: 1041), CLON Ceres ID no. 391449 (SEQ ID NO: 1045), CLON Ceres ID no. 1846400 (SEQ ID NO: 1048), ANOT Ceres ID no. 1475185 (SEQ ID NO: 1050), GI Público ID no. 115457148 (SEQ ID NO: 1051), ANOT Ceres ID no. 1454960 (SEQ ID NO: 1053), GI Público ID no. 50346893 (SEQ ID NO: 1056), CLON Ceres ID no. 1931526 (SEQ ID NO: 1058), ANOT Ceres ID no. 1454260 (SEQ ID NO: 1061), GI
 15 Público ID no. 115456131 (SEQ ID NO: 1062), CLON Ceres ID no. 159151 (SEQ ID NO: 1064), CLON Ceres ID no. 1842801 (SEQ ID NO: 1071), CLON Ceres ID no. 533030 (SEQ ID NO: 1073), CLON Ceres ID no. 1931881 (SEQ ID NO: 1075), ANOT Ceres ID no. 1480006 (SEQ ID NO: 1077), CLON Ceres ID no. 1895007 (SEQ ID NO: 1079), GI Público ID no. 3598863 (SEQ ID NO: 1080), ANOT Ceres ID no. 1471735 (SEQ ID NO: 1082), CLON Ceres ID no. 1937530 (SEQ ID NO: 1084), CLON Ceres ID no. 1833050 (SEQ ID NO: 1086), CLON Ceres ID no. 644213 (SEQ ID NO: 1088), CLON Ceres ID no. 568154 (SEQ ID NO: 1090), CLON Ceres ID no. 527598 (SEQ ID NO: 1092), ANOT Ceres ID no. 1487614 (SEQ ID NO: 1096), ANOT Ceres ID no. 1541881 (SEQ ID NO: 1098), ANOT Ceres ID no. 1488465 (SEQ ID NO: 1100), ANOT Ceres ID no. 1488468 (SEQ ID NO: 1102), ANOT Ceres ID no. 1541884 (SEQ ID NO: 1104), ANOT Ceres ID no. 1454972 (SEQ ID NO: 1106), ANOT Ceres ID no. 1475186 (SEQ ID NO: 1108),
 20 CLON Ceres ID no. 686198 (SEQ ID NO: 1112), GI Público ID no. 84579420 (SEQ ID NO: 1114), CLON Ceres ID no. 605144 (SEQ ID NO: 1116), GI Público ID no. 15077028 (SEQ ID NO: 1119), ANOT Ceres ID no. 1454963 (SEQ ID NO: 1121), ANOT Ceres ID no. 6030208 (SEQ ID NO: 1123), y ANOT Ceres ID no. 6076767 (SEQ ID NO: 1125).

25 En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 105 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 9. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME20095 (SEQ ID NO: 1129), GI Público ID no. 72255610 (SEQ ID NO: 933), LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME20095 (SEQ ID NO: 1129), CLON Ceres ID no. 1562633 (SEQ ID NO: 1140), ANOT Ceres ID no. 1692728 (SEQ ID NO: 1142), CLON Ceres ID no. 921110 (SEQ ID NO: 1144), CLON Ceres ID no. 1791180 (SEQ ID NO: 1146), CLON Ceres ID no. 527891 (SEQ ID NO: 1148), ANOT Ceres ID no. 1522414 (SEQ ID NO: 1150), GI Público ID no. 51458330 (SEQ ID NO: 1182), GI Público ID no. 18399940 (SEQ ID NO: 63), ANOT Ceres ID no. 6107929 (SEQ ID NO: 73), ANOT Ceres ID no. 1473094 (SEQ ID NO: 96), ANOT Ceres ID no. 1503955 (SEQ ID NO: 127), ANOT Ceres ID no. 1526501 (SEQ ID NO: 139), GI
 30 Público ID no. 15235713 (SEQ ID NO: 179), GI Público ID no. 15234552 (SEQ ID NO: 180), ANOT Ceres ID no. 1520801 (SEQ ID NO: 209), ANOT Ceres ID no. 1443434 (SEQ ID NO: 467), GI Público ID no. 30696058 (SEQ ID NO: 559), ANOT Ceres ID no. 1509601 (SEQ ID NO: 648), ANOT Ceres ID no. 1451912 (SEQ ID NO: 726), ANOT Ceres ID no. 6017545 (SEQ ID NO: 741), ANOT Ceres ID no. 1504999 (SEQ ID NO: 765), ANOT Ceres ID no. 1456402 (SEQ ID NO: 773), ANOT Ceres ID no. 1496359 (SEQ ID NO: 781), ANOT Ceres ID no. 1447260 (SEQ ID NO: 842), ANOT Ceres ID no. 1469023 (SEQ ID NO: 861), ANOT Ceres ID no. 1474186 (SEQ ID NO: 865), ANOT Ceres ID no. 1527596 (SEQ ID NO: 867), CLON Ceres ID no. 1919624 (SEQ ID NO: 896), CLON Ceres ID no. 677797 (SEQ ID NO: 916), GI Público ID no. 7960729 (SEQ ID NO: 932), CLON Ceres ID no. 941845 (SEQ ID NO: 1043), GI Público ID no. 30683008 (SEQ ID NO: 1046), GI Público ID no. 42568786 (SEQ ID NO: 1059), CLON Ceres ID no. 255364 (SEQ ID NO: 1069), GI Público ID no. 147771549 (SEQ ID NO: 1130), GI Público ID no. 144924741 (SEQ ID NO: 1131), GI Público ID no. 121594508 (SEQ ID NO: 1132), GI Público ID no. 91202290 (SEQ ID NO: 1133), GI Público ID no. 89900939 (SEQ ID NO: 1134), GI Público ID no. 77917672 (SEQ ID NO: 1135), GI
 35 Público ID no. 77165252 (SEQ ID NO: 1136), GI Público ID no. 115375374 (SEQ ID NO: 1137), GI Público ID no. 110602449 (SEQ ID NO: 1138), GI Público ID no. 125540573 (SEQ ID NO: 1151), GI Público ID no. 125561519 (SEQ ID NO: 1152), GI Público ID no. 125528345 (SEQ ID NO: 1153), GI Público ID no. 116310408 (SEQ ID NO: 1154), GI Público ID no. 115483332 (SEQ ID NO: 1156), GI Público ID no. 125575640 (SEQ ID NO: 1157), GI Público ID no. 115476368 (SEQ ID NO: 1158), GI Público ID no. 115478841 (SEQ ID NO: 1159), GI Público ID no. 115467158 (SEQ ID NO: 1160), GI Público ID no. 72384477 (SEQ ID NO: 1161), GI Público ID no. 116054703 (SEQ ID NO: 1162), CLON Ceres ID no. 1786317 (SEQ ID NO: 1164), CLON Ceres ID no. 1791336 (SEQ ID NO: 1166), CLON Ceres ID no. 1877752 (SEQ ID NO: 1168), CLON Ceres ID no. 1821191 (SEQ ID NO: 1170), CLON Ceres ID no. 446838 (SEQ ID NO: 1172), CLON Ceres ID no. 1556915 (SEQ ID NO: 1174), GI Público ID no. 90200725 (SEQ ID NO: 1175), CLON Ceres ID no. 1580247 (SEQ ID NO: 1177), CLON Ceres ID no. 644201 (SEQ ID NO: 1179), CLON Ceres ID no. 538689 (SEQ ID NO: 1181), CLON Ceres ID no. 817225 (SEQ ID NO: 1184), y CLON Ceres ID
 40 no. 923842 (SEQ ID NO: 1186).

45 En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 55 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 10. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 31309 (SEQ ID NO: 60), CLON Ceres ID no. 872030 (SEQ ID NO: 62), CLON Ceres ID no. 100029223 (SEQ ID NO: 74), CLON Ceres ID no. 1939845 (SEQ ID NO: 98), CLON Ceres ID
 50 no. 2015383 (SEQ ID NO: 102), CLON Ceres ID no. 1607893 (SEQ ID NO: 104), CLON Ceres ID no. 1075133 (SEQ ID NO: 152), CLON Ceres ID no. 1218065 (SEQ ID NO: 915), GI Público ID no. 15227919 (SEQ ID NO: 64), GI Público ID no. 9843641 (SEQ ID NO: 65), GI Público ID no. 124294789 (SEQ ID NO: 66), GI Público ID no. 15233446 (SEQ ID NO: 67), GI Público ID no. 115477679 (SEQ ID NO: 68), GI Público ID no. 42407552 (SEQ ID NO: 69), GI Público ID no. 125562450 (SEQ ID NO: 70), GI Público ID no. 115469980 (SEQ ID NO: 71), ANOT

Ceres ID no. 1442539 (SEQ ID NO: 76), ANOT Ceres ID no. 1442538 (SEQ ID NO: 78), ANOT Ceres ID no. 1460661 (SEQ ID NO: 80), ANOT Ceres ID no. 1452884 (SEQ ID NO: 82), ANOT Ceres ID no. 1450523 (SEQ ID NO: 84), ANOT Ceres ID no. 1442257 (SEQ ID NO: 86), ANOT Ceres ID no. 1541121 (SEQ ID NO: 88), ANOT Ceres ID no. 1480481 (SEQ ID NO: 90), ANOT Ceres ID no. 1487713 (SEQ ID NO: 92), ANOT Ceres ID no. 1456204 (SEQ ID NO: 94), CLON Ceres ID no. 1387402 (SEQ ID NO: 100), CLON Ceres ID no. 972919 (SEQ ID NO: 106), CLON Ceres ID no. 1645860 (SEQ ID NO: 108), CLON Ceres ID no. 1042804 (SEQ ID NO: 110), CLON Ceres ID no. 1606678 (SEQ ID NO: 112), CLON Ceres ID no. 684496 (SEQ ID NO: 114), CLON Ceres ID no. 1062366 (SEQ ID NO: 116), CLON Ceres ID no. 1722931 (SEQ ID NO: 118), CLON Ceres ID no. 746169 (SEQ ID NO: 120), CLON Ceres ID no. 1050475 (SEQ ID NO: 122), CLON Ceres ID no. 1728904 (SEQ ID NO: 124), CLON Ceres ID no. 1698538 (SEQ ID NO: 126), CLON Ceres ID no. 1762328 (SEQ ID NO: 130), CLON Ceres ID no. 1590072 (SEQ ID NO: 132), CLON Ceres ID no. 471593 (SEQ ID NO: 134), CLON Ceres ID no. 1031667 (SEQ ID NO: 136), CLON Ceres ID no. 1826085 (SEQ ID NO: 138), CLON Ceres ID no. 373932 (SEQ ID NO: 142), CLON Ceres ID no. 1797836 (SEQ ID NO: 144), CLON Ceres ID no. 1102774 (SEQ ID NO: 146), CLON Ceres ID no. 842287 (SEQ ID NO: 148), CLON Ceres ID no. 568205 (SEQ ID NO: 150), ANOT Ceres ID no. 6108997 (SEQ ID NO: 154), ANOT Ceres ID no. 6023609 (SEQ ID NO: 156), y ANOT Ceres ID no. 6017906 (SEQ ID NO: 158).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 55 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 11. Dichos polipéptidos incluyen LOCUS Ceres ID no. At2g26150 (SEQ ID NO: 364), ANOT Ceres ID no. 1455221 (SEQ ID NO: 407), GI Público ID no. 729774 (SEQ ID NO: 408), CLON Ceres ID no. 1414288 (SEQ ID NO: 410), GI Público ID no. 115482048 (SEQ ID NO: 413), GI Público ID no. 56117815 (SEQ ID NO: 421), ANOT Ceres ID no. 1485538 (SEQ ID NO: 366), ANOT Ceres ID no. 1538505 (SEQ ID NO: 368), GI Público ID no. 8347238 (SEQ ID NO: 369), GI Público ID no. 125542955 (SEQ ID NO: 370), GI Público ID no. 115446219 (SEQ ID NO: 371), CLON Ceres ID no. 1597127 (SEQ ID NO: 373), CLON Ceres ID no. 1584568 (SEQ ID NO: 375), CLON Ceres ID no. 286056 (SEQ ID NO: 377), ANOT Ceres ID no. 1543432 (SEQ ID NO: 379), CLON Ceres ID no. 1728062 (SEQ ID NO: 381), ANOT Ceres ID no. 1448950 (SEQ ID NO: 383), CLON Ceres ID no. 771500 (SEQ ID NO: 385), ANOT Ceres ID no. 1485096 (SEQ ID NO: 387), CLON Ceres ID no. 1646104 (SEQ ID NO: 389), GI Público ID no. 111184724 (SEQ ID NO: 390), CLON Ceres ID no. 1362475 (SEQ ID NO: 392), CLON Ceres ID no. 597906 (SEQ ID NO: 394), CLON Ceres ID no. 615781 (SEQ ID NO: 396), CLON Ceres ID no. 538713 (SEQ ID NO: 398), CLON Ceres ID no. 1794141 (SEQ ID NO: 400), GI Público ID no. 5821138 (SEQ ID NO: 401), GI Público ID no. 886742 (SEQ ID NO: 402), CLON Ceres ID no. 1814498 (SEQ ID NO: 404), GI Público ID no. 7158882 (SEQ ID NO: 405), ANOT Ceres ID no. 1452564 (SEQ ID NO: 412), GI Público ID no. 125557431 (SEQ ID NO: 414), ANOT Ceres ID no. 1442880 (SEQ ID NO: 416), ANOT Ceres ID no. 1463437 (SEQ ID NO: 418), GI Público ID no. 42415865 (SEQ ID NO: 419), GI Público ID no. 33087081 (SEQ ID NO: 420), GI Público ID no. 115521217 (SEQ ID NO: 422), GI Público ID no. 115521211 (SEQ ID NO: 423), GI Público ID no. 115521215 (SEQ ID NO: 424), ANOT Ceres ID no. 1454376 (SEQ ID NO: 426), CLON Ceres ID no. 835571 (SEQ ID NO: 428), ANOT Ceres ID no. 1500046 (SEQ ID NO: 430), GI Público ID no. 110738569 (SEQ ID NO: 431), GI Público ID no. 125542510 (SEQ ID NO: 432), GI Público ID no. 30686034 (SEQ ID NO: 433), GI Público ID no. 125570883 (SEQ ID NO: 434), GI Público ID no. 42562463 (SEQ ID NO: 435), CLON Ceres ID no. 100043265 (SEQ ID NO: 436), ANOT Ceres ID no. 6089790 (SEQ ID NO: 438), y ANOT Ceres ID no. 6043635 (SEQ ID NO: 440).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 50 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 12. Dichos polipéptidos incluyen LOCUS Ceres ID no. At1g32330 (SEQ ID NO: 311), ANOT Ceres ID no. 1538958 (SEQ ID NO: 319), GI Público ID no. 115521213 (SEQ ID NO: 320), GI Público ID no. 42415865 (SEQ ID NO: 321), GI Público ID no. 729775 (SEQ ID NO: 322), GI Público ID no. 11386827 (SEQ ID NO: 323), GI Público ID no. 115456675 (SEQ ID NO: 326), GI Público ID no. 89274218 (SEQ ID NO: 335), GI Público ID no. 125546035 (SEQ ID NO: 312), CLON Ceres ID no. 125228 (SEQ ID NO: 314), GI Público ID no. 115465055 (SEQ ID NO: 315), GI Público ID no. 125553080 (SEQ ID NO: 316), GI Público ID no. 8920606 (SEQ ID NO: 317), CLON Ceres ID no. 1919643 (SEQ ID NO: 325), GI Público ID no. 429155 (SEQ ID NO: 327), CLON Ceres ID no. 1194199 (SEQ ID NO: 329), GI Público ID no. 15236631 (SEQ ID NO: 330), ANOT Ceres ID no. 1523420 (SEQ ID NO: 332), ANOT Ceres ID no. 1447046 (SEQ ID NO: 334), GI Público ID no. 25296101 (SEQ ID NO: 336), GI Público ID no. 15228440 (SEQ ID NO: 337), GI Público ID no. 6624612 (SEQ ID NO: 338), GI Público ID no. 125588688 (SEQ ID NO: 339), GI Público ID no. 115470859 (SEQ ID NO: 340), GI Público ID no. 15228865 (SEQ ID NO: 341), CLON Ceres ID no. 1571069 (SEQ ID NO: 343), GI Público ID no. 115455903 (SEQ ID NO: 344), ANOT Ceres ID no. 1459422 (SEQ ID NO: 346), CLON Ceres ID no. 1577511 (SEQ ID NO: 348), GI Público ID no. 115451657 (SEQ ID NO: 349), GI Público ID no. 15225255 (SEQ ID NO: 350), GI Público ID no. 125545695 (SEQ ID NO: 351), ANOT Ceres ID no. 1471817 (SEQ ID NO: 353), ANOT Ceres ID no. 1440896 (SEQ ID NO: 355), GI Público ID no. 119393868 (SEQ ID NO: 356), ANOT Ceres ID no. 1517025 (SEQ ID NO: 358), ANOT Ceres ID no. 1512410 (SEQ ID NO: 360), y ANOT Ceres ID no. 6035498 (SEQ ID NO: 362).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 25 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 13. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 41543 (SEQ ID NO: 160) CLON Ceres ID no. 1837065 (SEQ ID NO: 162), ANOT Ceres ID no. 1531178 (SEQ ID NO: 184), CLON Ceres ID no. 470694 (SEQ ID NO: 242), GI Público ID no. 92867368 (SEQ ID NO: 253), CLON Ceres ID no. 859707 (SEQ ID NO: 256), CLON Ceres ID no. 392275 (SEQ ID

NO: 268), CLON Ceres ID no. 1828394 (SEQ ID NO: 282), GI Público ID no. 115466694 (SEQ ID NO: 294), CLON Ceres ID no. 1895763 (SEQ ID NO: 164), CLON Ceres ID no. 1850460 (SEQ ID NO: 166), CLON Ceres ID no. 1808074 (SEQ ID NO: 168), CLON Ceres ID no. 1832882 (SEQ ID NO: 170), CLON Ceres ID no. 1978977 (SEQ ID NO: 172), CLON Ceres ID no. 1918742 (SEQ ID NO: 174), CLON Ceres ID no. 1940023 (SEQ ID NO: 176), CLON Ceres ID no. 1923495 (SEQ ID NO: 178), CLON Ceres ID no. 1851388 (SEQ ID NO: 182), ANOT Ceres ID no. 1477681 (SEQ ID NO: 186), ANOT Ceres ID no. 1508800 (SEQ ID NO: 188), ANOT Ceres ID no. 1455597 (SEQ ID NO: 190), ANOT Ceres ID no. 1532016 (SEQ ID NO: 192), ANOT Ceres ID no. 1478526 (SEQ ID NO: 194), ANOT Ceres ID no. 1492567 (SEQ ID NO: 196), ANOT Ceres ID no. 1515273 (SEQ ID NO: 198), ANOT Ceres ID no. 1461979 (SEQ ID NO: 200), ANOT Ceres ID no. 1439702 (SEQ ID NO: 202), ANOT Ceres ID no. 1448044 (SEQ ID NO: 204), ANOT Ceres ID no. 1483370 (SEQ ID NO: 206), ANOT Ceres ID no. 1445651 (SEQ ID NO: 208), ANOT Ceres ID no. 1490863 (SEQ ID NO: 212), ANOT Ceres ID no. 1501043 (SEQ ID NO: 214), ANOT Ceres ID no. 1527507 (SEQ ID NO: 216), ANOT Ceres ID no. 1498633 (SEQ ID NO: 218), ANOT Ceres ID no. 1465403 (SEQ ID NO: 220), ANOT Ceres ID no. 1510956 (SEQ ID NO: 222), ANOT Ceres ID no. 1457735 (SEQ ID NO: 224), GI Público ID no. 15224711 (SEQ ID NO: 225), CLON Ceres ID no. 40062 (SEQ ID NO: 228), GI Público ID no. 15220315 (SEQ ID NO: 229), CLON Ceres ID no. 36480 (SEQ ID NO: 231), CLON Ceres ID no. 2443 (SEQ ID NO: 233), GI Público ID no. 30685375 (SEQ ID NO: 234), GI Público ID no. 126009434 (SEQ ID NO: 235), CLON Ceres ID no. 965753 (SEQ ID NO: 237), CLON Ceres ID no. 948834 (SEQ ID NO: 239), GI Público ID no. 33347409 (SEQ ID NO: 240), CLON Ceres ID no. 643614 (SEQ ID NO: 244), CLON Ceres ID no. 1049362 (SEQ ID NO: 246), CLON Ceres ID no. 546675 (SEQ ID NO: 248), CLON Ceres ID no. 522046 (SEQ ID NO: 250), CLON Ceres ID no. 651076 (SEQ ID NO: 252), GI Público ID no. 92897590 (SEQ ID NO: 254), CLON Ceres ID no. 634176 (SEQ ID NO: 258), CLON Ceres ID no. 1041432 (SEQ ID NO: 260), CLON Ceres ID no. 1065203 (SEQ ID NO: 262), CLON Ceres ID no. 555361 (SEQ ID NO: 264), CLON Ceres ID no. 704227 (SEQ ID NO: 266), CLON Ceres ID no. 100819945 (SEQ ID NO: 269), CLON Ceres ID no. 282584 (SEQ ID NO: 271), CLON Ceres ID no. 1448469 (SEQ ID NO: 273), CLON Ceres ID no. 241246 (SEQ ID NO: 275), CLON Ceres ID no. 234443 (SEQ ID NO: 277), CLON Ceres ID no. 293549 (SEQ ID NO: 279), GI Público ID no. 109450926 (SEQ ID NO: 280), CLON Ceres ID no. 1803923 (SEQ ID NO: 284), CLON Ceres ID no. 2024557 (SEQ ID NO: 286), CLON Ceres ID no. 1820364 (SEQ ID NO: 288), GI Público ID no. 125554274 (SEQ ID NO: 289), GI Público ID no. 125531165 (SEQ ID NO: 290), GI Público ID no. 125541514 (SEQ ID NO: 291), GI Público ID no. 125557559 (SEQ ID NO: 292), GI Público ID no. 125557844 (SEQ ID NO: 293), GI Público ID no. 115449295 (SEQ ID NO: 295), GI Público ID no. 115481182 (SEQ ID NO: 296), GI Público ID no. 20177639 (SEQ ID NO: 297), GI Público ID no. 115471021 (SEQ ID NO: 298), GI Público ID no. 115456011 (SEQ ID NO: 299), GI Público ID no. 125588290 (SEQ ID NO: 300), GI Público ID no. 115477799 (SEQ ID NO: 301), GI Público ID no. 115471385 (SEQ ID NO: 302), GI Público ID no. 125599705 (SEQ ID NO: 303), GI Público ID no. 115489810 (SEQ ID NO: 304), GI Público ID no. 55276718 (SEQ ID NO: 305), ANOT Ceres ID no. 6025568 (SEQ ID NO: 307), y ANOT Ceres ID no. 6091128 (SEQ ID NO: 309).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 85 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 14. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 14572 (SEQ ID NO: 2), GI Público ID no. 115470807 (SEQ ID NO: 5), CLON Ceres ID no. 1842931 (SEQ ID NO: 15), CLON Ceres ID no. 321308 (SEQ ID NO: 17), CLON Ceres ID no. 1725811 (SEQ ID NO: 19), CLON Ceres ID no. 1357455 (SEQ ID NO: 21), CLON Ceres ID no. 943370 (SEQ ID NO: 23), CLON Ceres ID no. 1327712 (SEQ ID NO: 25), CLON Ceres ID no. 1764692 (SEQ ID NO: 27), ANOT Ceres ID no. 1512656 (SEQ ID NO: 41), GI Público ID no. 18403425 (SEQ ID NO: 3), GI Público ID no. 11994285 (SEQ ID NO: 4), GI Público ID no. 108706298 (SEQ ID NO: 6), GI Público ID no. 15233585 (SEQ ID NO: 7), GI Público ID no. 125599279 (SEQ ID NO: 8), GI Público ID no. 115450865 (SEQ ID NO: 9), GI Público ID no. 22773244 (SEQ ID NO: 10), GI Público ID no. 92874749 (SEQ ID NO: 11), CLON Ceres ID no. 1857034 (SEQ ID NO: 13), CLON Ceres ID no. 1059300 (SEQ ID NO: 29), CLON Ceres ID no. 1804869 (SEQ ID NO: 31), CLON Ceres ID no. 378863 (SEQ ID NO: 33), CLON Ceres ID no. 1930271 (SEQ ID NO: 35), CLON Ceres ID no. 2034728 (SEQ ID NO: 37), CLON Ceres ID no. 1866421 (SEQ ID NO: 39), ANOT Ceres ID no. 1463492 (SEQ ID NO: 43), ANOT Ceres ID no. 1459391 (SEQ ID NO: 45), ANOT Ceres ID no. 1442920 (SEQ ID NO: 47), ANOT Ceres ID no. 6011447 (SEQ ID NO: 49), ANOT Ceres ID no. 6068218 (SEQ ID NO: 51), ANOT Ceres ID no. 6044121 (SEQ ID NO: 53), y ANOT Ceres ID no. 6100755 (SEQ ID NO: 55).

En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de 70 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 15. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME02401 (SEQ ID NO: 749), CLON Ceres ID no. 1847516 (SEQ ID NO: 1195), CLON Ceres ID no. 1961986 (SEQ ID NO: 1201), ANOT Ceres ID no. 6091930 (SEQ ID NO: 1207), CLON Ceres ID no. 2025938 (SEQ ID NO: 885), CLON Ceres ID no. 1821214 (SEQ ID NO: 1189), CLON Ceres ID no. 1040399 (SEQ ID NO: 1191), CLON Ceres ID no. 1093691 (SEQ ID NO: 1193), CLON Ceres ID no. 974539 (SEQ ID NO: 1197), CLON Ceres ID no. 1832340 (SEQ ID NO: 1199), CLON Ceres ID no. 1933211 (SEQ ID NO: 1203), CLON Ceres ID no. 997558 (SEQ ID NO: 1205), ANOT Ceres ID no. 6041596 (SEQ ID NO: 1209), GI Público ID no. 125564176 (SEQ ID NO: 1210), CLON Ceres ID no. 1836064 (SEQ ID NO: 1212), CLON Ceres ID no. 1909693 (SEQ ID NO: 1214), GI Público ID no. 169363 (SEQ ID NO: 1215), GI Público ID no. 40287480 (SEQ ID NO: 1216), CLON Ceres ID no. 1765346 (SEQ ID NO: 1218), GI Público ID no. 125546008 (SEQ ID NO: 1219), CLON Ceres ID no. 1950900 (SEQ ID NO: 1221), GI Público ID no. 41350259 (SEQ ID NO: 1222), GI Público ID no. 125588210 (SEQ ID NO: 1223), CLON Ceres ID no. 1954395 (SEQ ID NO: 1225), GI Público ID no. 18403408 (SEQ ID NO: 1226), CLON Ceres ID no. 2010121 (SEQ ID NO: 1228), ANOT Ceres ID no. 6011486 (SEQ ID NO: 1230),

5 GI Público ID no. 25082726 (SEQ ID NO: 1231), GI Público ID no. 113196593 (SEQ ID NO: 1232), CLON Ceres ID no. 1843021 (SEQ ID NO: 1234), CLON Ceres ID no. 1931194 (SEQ ID NO: 1236), CLON Ceres ID no. 1652996 (SEQ ID NO: 1238), CLON Ceres ID no. 1930044 (SEQ ID NO: 1240), CLON Ceres ID no. 24255 (SEQ ID NO: 1242), ANOT Ceres ID no. 6034955 (SEQ ID NO: 1244), ANOT Ceres ID no. 6119444 (SEQ ID NO: 1246), ANOT Ceres ID no. 6063956 (SEQ ID NO: 1248), ANOT Ceres ID no. 6015461 (SEQ ID NO: 1250), CLON Ceres ID no. 696244 (SEQ ID NO: 1252), ANOT Ceres ID no. 1468973 (SEQ ID NO: 1254), CLON Ceres ID no. 2019529 (SEQ ID NO: 1256), y CLON Ceres ID no. 1492169 (SEQ ID NO: 1258).

10 En el listado de secuencias se muestran polipéptidos que tienen puntuaciones bit HMM mayores de aproximadamente 300 cuando se ajustan a un HMM generado a partir de las secuencias de aminoácidos mostradas en la Figura 16. Dichos polipéptidos incluyen LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME004246 (SEQ ID NO: 1311), ClonCeres: 971761 (SEQ ID NO: 1313), ClonCeres: 1946574 (SEQ ID NO: 1331), ClonCeres: 2055551 (SEQ ID NO: 1340), ClonCeres: 100045499 (SEQ ID NO: 1347), ClonCeres: 1465853 (SEQ ID NO: 1353), ClonCeres: 753982 (SEQ ID NO: 1360), ClonCeres: 1076093 (SEQ ID NO: 1315), ClonCeres: 1627875 (SEQ ID NO: 1317), AnotCeres: 1508362 (SEQ ID NO: 1319), AnotCeres: 1526950 (SEQ ID NO: 1321), ClonCeres: 1832333 (SEQ ID NO: 1323), GI: 74272607 (SEQ ID NO: 1324), GI: 192910782 (SEQ ID NO: 1325), GI: 157342563 (SEQ ID NO: 1326), GI: 159483497 (SEQ ID NO: 1327), ClonCeres: 1839999 (SEQ ID NO: 1329), ClonCeres: 467335 (SEQ ID NO: 1333), GI: 168010087 (SEQ ID NO: 1334), ClonCeres: 1728202 (SEQ ID NO: 1336), ClonCeres: 1994239 (SEQ ID NO: 1338), AnotCeres: 8704704 (SEQ ID NO: 1342), GI: 115453877 (SEQ ID NO: 1343), ClonCeres: 1646411 (SEQ ID NO: 1345), ClonCeres: 100920260 (SEQ ID NO: 1349), GI: 116786147 (SEQ ID NO: 1350), GI: 116783944 (SEQ ID NO: 1351), GI: 82623397 (SEQ ID NO: 1354), AnotCeres: 8656662 (SEQ ID NO: 1356), ClonCeres: 1417803 (SEQ ID NO: 1358), y GI: 145345927 (SEQ ID NO: 1361).

D. Porcentaje de identidad

25 En algunas realizaciones, un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 749. Los polipéptidos que tienen dicho porcentaje de identidad de secuencia tienen frecuentemente un dominio indicativo de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía y/o tienen una puntuación bit HMM que es mayor de 20, como se ha discutido anteriormente. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía que tienen al menos 20% de identidad de secuencia con una de las secuencias de aminoácidos mostradas en SEQ ID NO: 442, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 705, 30 SEQ ID NO: 711, SEQ ID NO: 742, SEQ ID NO: 1012, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 311, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 1131, y SEQ ID NO: 749 se proporcionan en las Figuras 1-16.

35 "Porcentaje de identidad de secuencia" se refiere al grado de identidad de secuencia entre cualquier secuencia de referencia dada, por ejemplo, SEQ ID NO: 2, y una secuencia candidata de tolerancia al calor y/o sequía. Una secuencia candidata típicamente tiene una longitud que es de 80 por ciento a 200 por ciento la longitud de la secuencia de referencia, por ejemplo, 82, 85, 87, 89, 90, 93, 95, 97, 99, 100, 105, 110, 115, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190, ó 200 por ciento la longitud de la secuencia de referencia. Un porcentaje de identidad para cualquier ácido nucleico o polipéptido candidato respecto a un ácido nucleico o polipéptido de referencia puede determinarse como sigue. Una secuencia de referencia (por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico o una secuencia de aminoácidos) se alinea con una o más secuencias candidatas usando el programa informático ClustalW (versión 1.83, parámetros por defecto), lo que permite llevar a cabo alineamientos de secuencias de ácido nucleico o polipéptido a lo largo de su longitud completa (alineamiento global). Chenna et al., Nucleic Acids Res., 31(13): 3497-500 (2003).

45 ClustalW calcula la mejor concordancia entre una secuencia de referencia y una o más candidatas, y las alinea de manera que pueden determinarse identidades, similitudes y diferencias. Pueden insertarse huecos de uno o más residuos en una secuencia de referencia, una secuencia candidata, o ambas, para maximizar los alineamientos de secuencias. Para un alineamiento rápido por parejas de secuencias de ácido nucleico, se usan los parámetros por defecto siguientes: tamaño de palabra: 2; tamaño de ventana: 4; método de puntuación: porcentaje; número de diagonales superiores: 4; y penalización por hueco: 5. Para el alineamiento múltiple de secuencias de ácido nucleico, se usan los parámetros siguientes: penalización por apertura de hueco: 10; penalización por extensión de hueco: 5,0; y transiciones de peso: sí. Para un alineamiento rápido por parejas de secuencias de proteína, se usan los parámetros siguientes: tamaño de palabra: 1; tamaño de ventana: 5; método de puntuación: porcentaje; número de diagonales superiores: 5; penalización por hueco: 3. Para el alineamiento múltiple de secuencias de proteína, se usan los parámetros siguientes: matriz de peso: blosum; penalización por apertura de hueco: 10; penalización por extensión de hueco: 0,5; huecos hidrofílicos: en funcionamiento; residuos hidrofílicos: Gly, Pro, Ser, Asn, Asp, Gln, Glu, Arg, y Lys; penalización por hueco específico de residuo: en funcionamiento. El resultado de ClustalW es un alineamiento de secuencias que refleja la relación entre las secuencias. ClustalW puede correrse, por ejemplo, en el sitio Baylor College of Medicine Search Launcher (searchlauncher.bcm.tmc.edu/multi-align/multi-align.html) y en el sitio European Bioinformatics Institute en la Red de Redes ("World Wide Web") (ebi.ac.uk/clustalw).

60 Para determinar el porcentaje de identidad de una secuencia candidata de ácido nucleico o aminoácidos con una secuencia de referencia, las secuencias se alinean usando ClustalW, el número de concordancias idénticas en el

alineamiento se divide por la longitud de la secuencia de referencia, y el resultado se multiplica por 100. Se indica que el valor del porcentaje de identidad puede redondearse a la décima más próxima. Por ejemplo, 78,11, 78,12, 78,13, y 78,14 se redondean hacia abajo hasta 78,1, mientras 78,15, 78,16, 78,17, 78,18, y 78,19 se redondean hacia arriba hasta 78,2.

5 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 442. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 40% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 442 se proporcionan en la Figura 1. Dichos polipéptidos incluyen GI Público ID no. 72384401 (SEQ ID NO: 443), CLON Ceres ID no. 1079382 (SEQ ID NO: 445), CLON Ceres ID no. 1853461 (SEQ ID NO: 447), CLON Ceres ID no. 1626485 (SEQ ID NO: 451), CLON Ceres ID no. 1713920 (SEQ ID NO: 459), CLON Ceres ID no. 1772747 (SEQ ID NO: 463), CLON Ceres ID no. 225960 (SEQ ID NO: 465), GI Público ID no. 115443807 (SEQ ID NO: 470), y CLON Ceres ID no. 569388 (SEQ ID NO: 483).

15 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 30% de identidad de secuencia, por ejemplo, 30%, 35%, 40%, 48%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 489. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 30% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 489 se proporcionan en la Figura 2. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 571200 (SEQ ID NO: 494), CLON Ceres ID no. 1928532 (SEQ ID NO: 496), ANOT Ceres ID no. 1490637 (SEQ ID NO: 498), CLON Ceres ID no. 295496 (SEQ ID NO: 514), GI Público ID no. 115463637 (SEQ ID NO: 515), y CLON Ceres ID no. 1999444 (SEQ ID NO: 518).

25 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 35% de identidad de secuencia, por ejemplo, 37%, 40%, 45%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 568. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 35% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 568 se proporcionan en la Figura 3. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 695006 (SEQ ID NO: 578) y ANOT Ceres ID no. 1527488 (SEQ ID NO: 584).

30 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 25% de identidad de secuencia, por ejemplo, 28%, 32%, 40%, 44%, 48%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 590. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 25% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 590 se proporcionan en la Figura 4. Dichos polipéptidos incluyen ANOT Ceres ID no. 1501305 (SEQ ID NO: 623), CLON Ceres ID no. 607280 (SEQ ID NO: 627), GI Público ID no. 92887174 (SEQ ID NO: 632), CLON Ceres ID no. 1857162 (SEQ ID NO: 634), GI Público ID no. 115477272 (SEQ ID NO: 674), y CLON Ceres ID no. 264002 (SEQ ID NO: 682).

40 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 40% de identidad de secuencia, por ejemplo, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 705. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 40% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 705 se proporcionan en la Figura 5. Dichos polipéptidos incluyen GI Público ID no. 79320952 (SEQ ID NO: 706) y GI Público ID no. 79320957 (SEQ ID NO: 707).

45 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 30% de identidad de secuencia, por ejemplo, 33%, 41%, 45%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 711. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 30% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 711 se proporcionan en la Figura 6. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 964616 (SEQ ID NO: 714), CLON Ceres ID no. 100009667 (SEQ ID NO: 715), ANOT Ceres ID no. 1444568 (SEQ ID NO: 719), CLON Ceres ID no. 719489 (SEQ ID NO: 725), CLON Ceres ID no. 587748 (SEQ ID NO: 733), GI Público ID no. 125528114 (SEQ ID NO: 734), y CLON Ceres ID no. 274172 (SEQ ID NO: 737).

50 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 30% de identidad de secuencia, por ejemplo, 35%, 38%, 43%, 47%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 742. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 30% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 742 se proporcionan en la Figura 7. Dichos polipéptidos incluyen GI Público ID no. 115477170 (SEQ ID NO: 757), CLON Ceres ID no. 1620215 (SEQ ID NO: 759), CLON Ceres ID no. 1931889 (SEQ ID NO: 761), ANOT Ceres ID no. 1460527 (SEQ ID NO: 801), CLON Ceres ID no. 975913 (SEQ ID NO: 846), CLON Ceres ID no. 708446 (SEQ ID NO: 859), CLON Ceres ID no. 1748922 (SEQ ID NO: 944), CLON Ceres ID no. 1775820 (SEQ ID NO: 955), GI Público ID no. 115468934 (SEQ ID NO: 991), y GI Público ID no. 118424243 (SEQ ID NO: 1000).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 35% de identidad de secuencia, por ejemplo, 36%, 40%, 47%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 1012. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 35% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 1012 se proporcionan en la Figura 8. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 287430 (SEQ ID NO: 1018), ANOT Ceres ID no. 451889 (SEQ ID NO: 1020), CLON Ceres ID no. 936084 (SEQ ID NO: 1055), CLON Ceres ID no. 1792501 (SEQ ID NO: 1066), ANOT Ceres ID no. 1437875 (SEQ ID NO: 1068), GI Público ID no. 1853968 (SEQ ID NO: 1093), GI Público ID no. 27530032 (SEQ ID NO: 1094), CLON Ceres ID no. 1834483 (SEQ ID NO: 1110), GI Público ID no. 84579418 (SEQ ID NO: 1113), GI Público ID no. 15077030 (SEQ ID NO: 1117), y GI Público ID no. 13752458 (SEQ ID NO: 1118).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 30% de identidad de secuencia, por ejemplo, 31%, 35%, 40%, 41%, 49%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 1129. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 30% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 1129 se proporcionan en la Figura 9. Dichos polipéptidos incluyen GI Público ID no. 72255610 (SEQ ID NO: 933), LÍNEA DE SEMILLAS Ceres ID no. ME20095 (SEQ ID NO: 1129), CLON Ceres ID no. 1562633 (SEQ ID NO: 1140), ANOT Ceres ID no. 1692728 (SEQ ID NO: 1142), CLON Ceres ID no. 921110 (SEQ ID NO: 1144), CLON Ceres ID no. 1791180 (SEQ ID NO: 1146), CLON Ceres ID no. 527891 (SEQ ID NO: 1148), ANOT Ceres ID no. 1522414 (SEQ ID NO: 1150), y GI Público ID no. 51458330 (SEQ ID NO: 1182).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia al calor tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 25% de identidad de secuencia, por ejemplo, 26%, 27%, 30%, 32%, 40%, 42%, 47%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 60. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 25% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 60 se proporcionan en la Figura 10. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 872030 (SEQ ID NO: 62), CLON Ceres ID no. 100029223 (SEQ ID NO: 74), CLON Ceres ID no. 1939845 (SEQ ID NO: 98), CLON Ceres ID no. 2015383 (SEQ ID NO: 102), CLON Ceres ID no. 1607893 (SEQ ID NO: 104), CLON Ceres ID no. 1075133 (SEQ ID NO: 152), y CLON Ceres ID no. 1218065 (SEQ ID NO: 915).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia al calor tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 25% de identidad de secuencia, por ejemplo, 27%, 28%, 31%, 36%, 44%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 364. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 25% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 364 se proporcionan en la Figura 11. Dichos polipéptidos incluyen ANOT Ceres ID no. 1455221 (SEQ ID NO: 407), GI Público ID no. 729774 (SEQ ID NO: 408), CLON Ceres ID no. 1414288 (SEQ ID NO: 410), GI Público ID no. 115482048 (SEQ ID NO: 413), y GI Público ID no. 56117815 (SEQ ID NO: 421).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia al calor tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 25% de identidad de secuencia, por ejemplo, 29%, 35%, 40%, 47%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 311. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 25% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 311 se proporcionan en la Figura 12. Dichos polipéptidos incluyen ANOT Ceres ID no. 1538958 (SEQ ID NO: 319), GI Público ID no. 115521213 (SEQ ID NO: 320), GI Público ID no. 42415865 (SEQ ID NO: 321), GI Público ID no. 729775 (SEQ ID NO: 322), GI Público ID no. 11386827 (SEQ ID NO: 323), GI Público ID no. 115456675 (SEQ ID NO: 326), y GI Público ID no. 89274218 (SEQ ID NO: 335).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia al calor tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 25% de identidad de secuencia, por ejemplo, 30%, 33%, 40%, 45%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 160. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 25% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 160 se proporcionan en la Figura 13. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 1837065 (SEQ ID NO: 162), ANOT Ceres ID no. 1531178 (SEQ ID NO: 184), CLON Ceres ID no. 470694 (SEQ ID NO: 242), GI Público ID no. 92867368 (SEQ ID NO: 253), CLON Ceres ID no. 859707 (SEQ ID NO: 256), CLON Ceres ID no. 392275 (SEQ ID NO: 268), CLON Ceres ID no. 1828394 (SEQ ID NO: 282), y GI Público ID no. 115466694 (SEQ ID NO: 294).

En algunos casos, un polipéptido de tolerancia al calor tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 20% de identidad de secuencia, por ejemplo, 21%, 22%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 2. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 20% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 2 se proporcionan en la Figura 14. Dichos polipéptidos incluyen GI Público ID no. 115470807 (SEQ ID NO: 5), CLON Ceres ID no. 1842931 (SEQ ID NO: 15), CLON Ceres ID no. 321308 (SEQ ID NO: 17), CLON Ceres ID no. 1725811 (SEQ ID NO: 19), CLON Ceres ID no. 1357455 (SEQ

ID NO: 21), CLON Ceres ID no. 943370 (SEQ ID NO: 23), CLON Ceres ID no. 1327712 (SEQ ID NO: 25), CLON Ceres ID no. 1764692 (SEQ ID NO: 27), y ANOT Ceres ID no. 1512656 (SEQ ID NO: 41).

5 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 20% de identidad de secuencia, por ejemplo, 22%, 23%, 30%, 35%, 40%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 749. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 20% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 749 se proporcionan en la Figura 15. Dichos polipéptidos incluyen CLON Ceres ID no. 1847516 (SEQ ID NO: 1195), CLON Ceres ID no. 1961986 (SEQ ID NO: 1201), y ANOT Ceres ID no. 6091930 (SEQ ID NO: 1207).

10 En algunos casos, un polipéptido de tolerancia a la sequía tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 30% de identidad de secuencia, por ejemplo, 31%, 35%, 40%, 41%, 49%, 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de aminoácidos mostrada en SEQ ID NO: 1311. Las secuencias de aminoácidos de polipéptidos que tienen más de 30% de identidad de secuencia con el polipéptido mostrado en SEQ ID NO: 1311 se proporcionan en la Figura 16. Dichos polipéptidos incluyen ClonCeres: 971761 (SEQ ID NO: 1313), ClonCeres: 1946574 (SEQ ID NO: 1331), ClonCeres: 2055551 (SEQ ID NO: 1340), ClonCeres: 100045499 (SEQ ID NO: 1347), ClonCeres: 1465853 (SEQ ID NO: 1353), ClonCeres: 753982 (SEQ ID NO: 1360), ClonCeres: 1076093 (SEQ ID NO: 1315), ClonCeres: 1627875 (SEQ ID NO: 1317), AnotCeres: 1508362 (SEQ ID NO: 1319), AnotCeres: 1526950 (SEQ ID NO: 1321), ClonCeres: 1832333 (SEQ ID NO: 1323), GI: 74272607 (SEQ ID NO: 1324), GI: 192910782 (SEQ ID NO: 1325), GI: 157342563 (SEQ ID NO: 1326), GI: 159483497 (SEQ ID NO: 1327), ClonCeres: 1839999 (SEQ ID NO: 1329), ClonCeres: 467335 (SEQ ID NO: 1333), GI: 168010087 (SEQ ID NO: 1334), ClonCeres: 1728202 (SEQ ID NO: 1336), ClonCeres: 1994239 (SEQ ID NO: 1338), AnotCeres: 8704704 (SEQ ID NO: 1342), GI: 115453877 (SEQ ID NO: 1343), ClonCeres: 1646411 (SEQ ID NO: 1345), ClonCeres: 100920260 (SEQ ID NO: 1349), GI: 116786147 (SEQ ID NO: 1350), GI: 116783944 (SEQ ID NO: 1351), GI: 82623397 (SEQ ID NO: 1354), AnotCeres: 8656662 (SEQ ID NO: 1356), ClonCeres: 1417803 (SEQ ID NO: 1358), y GI: 145345927 (SEQ ID NO: 1361).

E. Otras secuencias

30 Debe apreciarse que un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede incluir aminoácidos adicionales que no están implicados en la tolerancia al calor y/o sequía, y así dicho polipéptido puede ser más largo de lo que sería de otra forma. Por ejemplo, un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede incluir una etiqueta de purificación, un péptido de tránsito de cloroplastos, un péptido de tránsito mitocondrial, un péptido de amiloplasto, o una secuencia líder añadida al extremo amino o carboxi. En algunas realizaciones, un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía incluye una secuencia de aminoácidos que funciona como un informador, por ejemplo, una proteína fluorescente verde o proteína fluorescente amarilla.

III. Ácidos nucleicos

35 Los ácidos nucleicos descritos en la presente memoria incluyen ácidos nucleicos que son efectivos para incrementar la tolerancia al calor y/o sequía cuando se transcriben en una planta o célula de planta. Dichos ácidos nucleicos incluyen aquellos que codifican un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía.

A. Ácidos nucleicos que codifican polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía

40 En la presente memoria, se describen ácidos nucleicos que codifican polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía. Dichos ácidos nucleicos incluyen SEQ ID NO: 441, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 704, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1260, SEQ ID NO: 1126, SEQ ID NO: 1127, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 363, SEQ ID NO: 310, SEQ ID NO: 159, SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 1188, SEQ ID NO: 1311, y SEQ ID NO: 56, como se describe con más detalle más adelante. Un ácido nucleico también puede ser un fragmento que es al menos 40% (por ejemplo, al menos 45, 50, 45 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, ó 99%) la longitud del ácido nucleico de longitud completa mostrado en SEQ ID NO: 441, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 704, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1260, SEQ ID NO: 1126, SEQ ID NO: 1127, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 363, SEQ ID NO: 310, SEQ ID NO: 159, SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 1008, y SEQ ID NO: 56.

50 Un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 441. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 441. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 80% de identidad de secuencia, por ejemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 441 o un homólogo funcional de éste tal como los identificados en el listado de secuencias.

Un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 488. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 488. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia a la

Un ácido nucleico de tolerancia al calor puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 310. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 310. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 80% de identidad de secuencia, por ejemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 310 o un homólogo funcional de éste tal como los identificados en el listado de secuencias.

Un ácido nucleico de tolerancia al calor puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 159. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 159. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 80% de identidad de secuencia, por ejemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 159 o un homólogo funcional de éste tal como los identificados en el listado de secuencias.

Un ácido nucleico de tolerancia al calor puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 80% de identidad de secuencia, por ejemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1 o un homólogo funcional de éste tal como los identificados en el listado de secuencias.

Un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1008. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1008. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 80% de identidad de secuencia, por ejemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1008 o un homólogo funcional de éste tal como los identificados en el listado de secuencias.

Un ácido nucleico de tolerancia al calor puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 56. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 56. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia al calor puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 80% de identidad de secuencia, por ejemplo, 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 56.

Un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede comprender la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1362. Alternativamente, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede ser una variante del ácido nucleico que tiene la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1362. Por ejemplo, un ácido nucleico de tolerancia a la sequía puede tener una secuencia de nucleótidos con al menos 30% de identidad de secuencia, por ejemplo, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, ó 99% de identidad de secuencia, con la secuencia de nucleótidos mostrada en SEQ ID NO: 1362 o un homólogo funcional de éste tal como los identificados en el listado de secuencias.

Las moléculas de ácido nucleico aisladas pueden producirse por técnicas estándar. Por ejemplo, pueden usarse técnicas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para obtener un ácido nucleico aislado que contiene una secuencia de nucleótidos descrita en la presente memoria. La PCR puede usarse para amplificar secuencias específicas de ADN así como ARN, incluyendo secuencias de ADN genómico total o ARN celular total. Se describen varios métodos de PCR, por ejemplo, en *PCR Primer: A Laboratory Manual*, Dieffenbach y Dveksler, eds., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995. Generalmente, se emplea la información de la secuencia desde los extremos de la región de interés o más allá para diseñar cebadores oligonucleotídicos que son idénticos o similares en secuencia a cadenas opuestas del molde que se va a amplificar. También están disponibles varias estrategias de PCR mediante las que pueden introducirse modificaciones en la secuencia de nucleótidos específicas de sitio en un ácido nucleico molde. Los ácidos nucleicos aislados también pueden sintetizarse químicamente, bien como una única molécula de ácido nucleico (por ejemplo, usando síntesis de ADN automatizada en la dirección 3' a 5' usando la tecnología de fósforoamidita) o como una serie de oligonucleótidos. Por ejemplo, puede sintetizarse una o más parejas de oligonucleótidos largos (por ejemplo, >100 nucleótidos) que contienen la secuencia deseada, conteniendo cada pareja un segmento corto de complementariedad (por ejemplo, aproximadamente 15 nucleótidos) de manera que se forma un dúplex cuando se hibrida la pareja de oligonucleótidos. La ADN polimerasa se usa para extender los oligonucleótidos, lo que resulta en una única molécula de ácido nucleico bicatenaria por pareja de oligonucleótidos, que puede entonces ligarse en un vector. Los ácidos nucleicos aislados de la invención también pueden obtenerse por mutagénesis, por ejemplo, de un ADN natural.

B. Uso de ácidos nucleicos para modular la expresión de polipéptidos

Expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía

Un ácido nucleico que codifica uno de los polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía descritos en la presente memoria puede usarse para expresar el polipéptido en una especie de planta de interés, típicamente transformando una célula de planta con un ácido nucleico que tiene la secuencia codificadora para el polipéptido unida de manera

operativa en la orientación con sentido a una o más regiones reguladoras. Los polinucleótidos adecuados incluyen ácidos nucleicos de longitud completa que codifican polipéptidos de tolerancia al calor y/o sequía o fragmentos de dichos ácidos nucleicos de longitud completa. En algunas realizaciones, puede usarse un complemento del ácido nucleico de longitud completa o un fragmento de éste. Típicamente, un fragmento tiene al menos 50 nucleótidos, por ejemplo, al menos 50, 55, 60, 75, 100, 200, 300, 500, 600, 700, 1.000, 2.000 nucleótidos o más.

Se apreciará que debido a la degeneración del código genético, un número de ácidos nucleicos puede codificar un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía particular; es decir, para muchos aminoácidos, existe más de un triplete de nucleótidos que sirve como el codón para el aminoácido. Así, pueden modificarse codones en la secuencia codificadora para un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía dado de manera que se obtiene la expresión óptima en una especie de planta particular, usando tablas de sesgo de codones apropiadas para esa especie.

En algunos casos, la expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía inhibe una o más funciones de un polipéptido endógeno. Por ejemplo, puede usarse un ácido nucleico que codifica un polipéptido negativo dominante para inhibir la función de la proteína. Un polipéptido negativo dominante típicamente se muta o trunca respecto a un polipéptido de tipo salvaje endógeno, y su presencia en una célula inhibe una o más funciones del polipéptido de tipo salvaje en esa célula, es decir, el polipéptido negativo dominante es genéticamente dominante y confiere una pérdida de función. El mecanismo por el que un polipéptido negativo dominante confiere dicho fenotipo puede variar pero frecuentemente implica una interacción proteína-proteína o una interacción proteína-ADN. Por ejemplo, un polipéptido negativo dominante puede ser una enzima que está truncada respecto a una enzima de tipo salvaje nativa, de manera que el polipéptido truncado retiene dominios implicados en la unión de una primera proteína pero carece de dominios implicados en la unión de una segunda proteína. El polipéptido truncado es así incapaz de modular apropiadamente la actividad de la segunda proteína. Véase, por ejemplo, US 2007/0056058. Como otro ejemplo, una mutación puntual que resulta en una sustitución de aminoácidos no conservativa en un dominio catalítico puede resultar en un polipéptido negativo dominante. Véase, por ejemplo, US 2005/032221. Como otro ejemplo, un polipéptido negativo dominante puede ser un factor de transcripción que está truncado respecto a un factor de transcripción de tipo salvaje nativo, de manera que el polipéptido truncado retiene el o los dominios de unión a ADN pero carece del o de los dominios de activación. Dicho polipéptido truncado puede inhibir la unión del factor de transcripción de tipo salvaje al ADN, inhibiendo de esta manera la activación de la transcripción.

C. Construcciones/vectores

Las construcciones recombinantes proporcionadas en la presente memoria pueden usarse para transformar plantas o células de planta con el fin de incrementar la tolerancia a la sequía y/o calor. Una construcción de ácido nucleico recombinante puede comprender un ácido nucleico que codifica un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía como se describe en la presente memoria, unido de manera operativa a una región reguladora adecuada para expresar el polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía en la planta o célula. Así, un ácido nucleico puede comprender una secuencia codificadora que codifica el polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía como se muestra en SEQ ID NO: 749. El polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía codificado por un ácido nucleico recombinante puede ser un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía nativo, o puede ser heterólogo para la célula. Los ejemplos de regiones reguladoras adecuadas se describen en la sección titulada "Regiones reguladoras".

También se proporcionan vectores que contienen construcciones de ácido nucleico recombinante tales como los descritos en la presente memoria. Los núcleos de vector adecuados incluyen, por ejemplo, los usados rutinariamente en la técnica tales como plásmidos, virus, cromosomas artificiales, BAC, YAC, o PAC. Los vectores de expresión adecuados incluyen, sin limitación, plásmidos y vectores virales derivados, por ejemplo, de bacteriófagos, baculovirus, y retrovirus. Numerosos vectores y sistemas de expresión están disponibles comercialmente en empresas como Novagen (Madison, WI), Clontech (Palo Alto, CA), Stratagene (La Jolla, CA), e Invitrogen/Life Technologies (Carlsbad, CA).

Los vectores proporcionados en la presente memoria también pueden incluir, por ejemplo, orígenes de replicación, región de unión de soporte (SAR), y/o marcadores. Un gen marcador puede conferir un fenotipo seleccionable a una célula de planta. Por ejemplo, un marcador puede conferir resistencia a biocidas, tal como resistencia a un antibiótico (por ejemplo, kanamicina, G418, bleomicina, o higromicina), o un herbicida (por ejemplo, glifosato, clorsulfurón o fosfinotricina). Además, un vector de expresión puede incluir una secuencia etiqueta diseñada para facilitar la manipulación o detección (por ejemplo, purificación o localización) del polipéptido expresado. Las secuencias etiqueta, tales como secuencias luciferasa, β -glucuronidasa (GUS), proteína fluorescente verde (GFP), glutatión-S-transferasa (GST), polihistidina, c-myc, hemaglutinina, o etiqueta Flag™ (Kodak, New Haven, CT) se expresan típicamente como una fusión con el polipéptido codificado. Dichas etiquetas pueden insertarse en cualquier lugar en el polipéptido, incluyendo bien en el extremo carboxilo o amino.

D. Regiones reguladoras

La elección de regiones reguladoras para ser incluidas en una construcción recombinante depende de varios factores, incluyendo, pero no limitado a, eficiencia, capacidad de selección, capacidad de inducción, nivel de expresión deseado, y expresión preferencial de célula o tejido. Es un aspecto rutinario para un experto en la técnica el modular la expresión de una secuencia codificadora mediante la selección y posicionamiento apropiados de

regiones reguladoras respecto a la secuencia codificadora. La transcripción de un ácido nucleico puede modularse de una manera similar.

Algunas regiones reguladoras adecuadas inician la transcripción sólo, o predominantemente, en determinados tipos de células. Se conocen los métodos para identificar y caracterizar regiones reguladoras en ADN genómico de plantas, incluyendo, por ejemplo, los descritos en las referencias siguientes: Jordano *et al.*, *Plant Cell*, 1: 855-866 (1989); Bustos *et al.*, *Plant Cell*, 1: 839-854 (1989); Green *et al.*, *EMBO J.*, 7: 4035-4044 (1988); Meier *et al.*, *Plant Cell*, 3: 309-316 (1991); y Zhang *et al.*, *Plant Physiology*, 110: 1069-1079 (1996).

Los ejemplos de varias clases de regiones reguladoras se describen más adelante. Algunas de las regiones reguladoras indicadas más adelante así como regiones reguladoras adicionales se describen con más detalle en las Solicitudes de Patente U.S. Nos. de Ser. 60/505.689; 60/518.075; 60/544.771; 60/558.869; 60/583.691; 60/619.181; 60/637.140; 60/757.544; 60/776.307; 10/957.569; 11/058.689; 11/172.703; 11/208.308; 11/274.890; 60/583.609; 60/612.891; 11/097.589; 11/233.726; 11/408.791; 11/414.142; 10/950.321; 11/360.017; PCT/US05/011105; PCT/US05/23639; PCT/US05/034308; PCT/US05/034343; y PCT/US06/038236; PCT/US06/040572; y PCT/US07/62762.

Por ejemplo, las secuencias de las regiones reguladoras p326, YP0144, YP0190, p13879, YP0050, p32449, 21876, YP0158, YP0214, YP0380, PT0848, PT0633, YP0128, YP0275, PT0660, PT0683, PT0758, PT0613, PT0672, PT0688, PT0837, YP0092, PT0676, PT0708, YP0396, YP0007, YP0111, YP0103, YP0028, YP0121, YP0008, YP0039, YP0115, YP0119, YP0120, YP0374, YP0101, YP0102, YP0110, YP0117, YP0137, YP0285, YP0212, YP0097, YP0107, YP0088, YP0143, YP0156, PT0650, PT0695, PT0723, PT0838, PT0879, PT0740, PT0535, PT0668, PT0886, PT0585, YP0381, YP0337, PT0710, YP0356, YP0385, YP0384, YP0286, YP0377, PD1367, PT0863, PT0829, PT0665, PT0678, YP0086, YP0188, YP0263, PT0743 e YP0096 se muestran en el listado de secuencias de PCT/US06/040572; la secuencia de la región reguladora PT0625 se muestra en el listado de secuencias de PCT/US05/034343; las secuencias de las regiones reguladoras PT0623, YP0388, YP0087, YP0093, YP0108, YP0022 e YP0080 se muestran en el listado de secuencias de la Solicitud de Patente U.S. No. de Ser. 11/172.703; la secuencia de la región reguladora PR0924 se muestra en el listado de secuencias de PCT/US07/62762; y las secuencias de las regiones reguladoras p530c10, pOsFIE2-2, pOsMEA, pOsYp102, y pOsYp285 se muestran en el listado de secuencias de PCT/US06/038236.

Se apreciará que una región reguladora puede cumplir los criterios para una clasificación basada en su actividad en una especie de planta, y aún así cumplir los criterios para una clasificación diferente basada en su actividad en otra especie de planta.

i. Promotores que se expresan ampliamente

Puede decirse que un promotor se "expresa ampliamente" cuando promueve la transcripción en muchos tejidos de planta, pero no necesariamente en todos. Por ejemplo, un promotor que se expresa ampliamente puede promover la transcripción de una secuencia unida de manera operativa en uno o más del brote, punta del brote (apical), y hojas, pero débilmente o nada en absoluto en tejidos tales como raíces o tallos. Como otro ejemplo, un promotor que se expresa ampliamente puede promover la transcripción en una secuencia unida de manera operativa en uno o más del tallo, brote, punta del brote (apical), y hojas, pero puede promover la transcripción débilmente o nada en absoluto en tejidos tales como tejidos reproductores de flores y semillas en desarrollo. Los ejemplos no limitativos de promotores que se expresan ampliamente que pueden incluirse en las construcciones de ácido nucleico proporcionadas en la presente memoria incluyen los promotores p326, YP0144, YP0190, p13879, YP0050, p32449, 21876, YP0158, YP0214, YP0380, PT0848, y PT0633. Los ejemplos adicionales incluyen el promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), el promotor de manopina sintasa (MS), los promotores 1' ó 2' derivados de T-ADN de *Agrobacterium tumefaciens*, el promotor 34S del virus del mosaico de escrofularia, promotores de actina tales como el promotor de actina de arroz, y promotores de ubiquitina tales como el promotor de ubiquitina-1 de maíz. En algunos casos, el promotor 35S CaMV se excluye de la categoría de promotores que se expresan ampliamente.

ii. Promotores de raíz

Los promotores activos en la raíz confieren la transcripción al tejido de la raíz, por ejemplo, endodermis de la raíz, epidermis de la raíz, o tejidos vasculares de la raíz. En algunas realizaciones, los promotores activos en la raíz son promotores preferenciales de raíz, es decir, confieren la transcripción sólo o predominantemente a tejido de la raíz. Los promotores preferenciales de raíz incluyen los promotores YP0128, YP0275, PT0625, PT0660, PT0683, y PT0758. Otros promotores preferenciales de raíz incluyen los promotores PT0613, PT0672, PT0688, y PT0837, que dirigen la transcripción principalmente en tejido de la raíz y en menor grado en óvulos y/o semillas. Otros ejemplos de promotores preferenciales de raíz incluyen los subdominios específicos de raíz del promotor 35S CaMV (Lam *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 86: 7890-7894 (1989)), promotores específicos de células de la raíz reportados por Conkling *et al.*, *Plant Physiol*, 93: 1203-1211 (1990), y el promotor RD2 de tabaco.

iii. Promotores del endospermo en maduración

En algunas realizaciones, pueden ser útiles los promotores que dirigen la transcripción en el endospermo en maduración. La transcripción a partir de un promotor del endospermo en maduración empieza típicamente después

de la fertilización y ocurre principalmente en tejido del endospermo durante el desarrollo de la semilla y es típicamente mayor durante la fase de celularización. Los promotores más adecuados son los que son activos predominantemente en el endospermo en maduración, aunque pueden usarse a veces los promotores que también son activos en otros tejidos. Los ejemplos no limitativos de promotores del endospermo en maduración que pueden incluirse en las construcciones de ácido nucleico proporcionadas en la presente memoria incluyen el promotor napin, el promotor de Arcelina-5, el promotor de faseolina (Bustos *et al*, *Plant Cell*, 1(9): 839-853 (1989)), el promotor del inhibidor de tripsina de soja (Riggs *et al*, *Plant Cell*, 1(6): 609-621 (1989)), el promotor ACP (Baerson *et al*, *Plant Mol. Biol.*, 22(2): 255-267 (1993)), el promotor de estearoil-ACP desaturasa (Slocombe *et al*, *Plant Physiol.*, 104(4): 167-176 (1994)), el promotor de la subunidad α' de β -conglucina de soja (Chen *et al*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 83: 8560-8564 (1986)), el promotor de oleosina (Hong *et al*, *Plant Mol. Biol.*, 34(3): 549-555 (1997)), y los promotores de zeína, tales como el promotor de zeína 15 kD, el promotor de zeína 16 kD, promotor de zeína 19 kD, promotor de zeína 22 kD y promotor de zeína 27 kD. También son adecuados el promotor de Osgt-1 del gen de glutelina-1 de arroz (Zheng *et al*, *Mol. Cell Biol.*, 13: 5829-5842 (1993)), el promotor de beta-amilasa, y el promotor de hordeína de cebada. Otros promotores de endospermo en maduración incluyen los promotores YP0092, PT0676, y PT0708.

iv. Promotores de tejido de ovario

Los promotores que son activos en tejidos de ovario tal como la pared y mesocarpo del óvulo también pueden ser útiles, por ejemplo, un promotor de poligalacturonidasa, el promotor TRX de banana, el promotor de actina de melón, YP0396, y PT0623. Los ejemplos de promotores de son activos principalmente en óvulos incluyen YP0007, YP0111, YP0092, YP0103, YP0028, YP0121, YP0008, YP0039, YP0115, YP0119, YP0120, e YP0374.

v. Promotores del saco embrionario/endospermo temprano

Para conseguir la expresión en el saco embrionario/endospermo temprano, pueden usarse regiones reguladoras que son activas en núcleos polares y/o la célula central, o en precursores de los núcleos polares, pero no en células del huevo o precursores de las células del huevo. Los promotores más adecuados son los que dirigen la expresión sólo o predominantemente en núcleos polares o precursores de éstos y/o la célula central. Un patrón de transcripción que se extiende desde los núcleos polares hasta el desarrollo del endospermo temprano también puede encontrarse con promotores preferenciales del saco embrionario/endospermo temprano, aunque la transcripción típicamente disminuye significativamente en el desarrollo del endospermo tardío durante y después de la fase de celularización. La expresión en el cigoto o embrión en desarrollo no está presente típicamente con promotores del saco embrionario/endospermo temprano.

Los promotores que pueden ser adecuados incluyen aquellos derivados de los genes siguientes: vivíparo-1 de *Arabidopsis* (véase, GenBank No. U93215); *atmyc1* de *Arabidopsis* (véase, Urao (1996) *Plant Mol Biol*, 32: 571-57; Conceicao (1994) *Plant*, 5: 493-505); FIE de *Arabidopsis* (GenBank No. AF129516); MEA de *Arabidopsis*; FIS2 de *Arabidopsis* (GenBank No. AF096096); y FIE 1.1 (Patente U.S. 6.906.244). Otros promotores que pueden ser adecuados incluyen aquellos derivados de los genes siguientes: MAC1 de maíz (véase, Sheridan (1996) *Genetics*, 142: 1009-1020); Cat3 de maíz (véase, GenBank No. L05934; Abler (1993) *Plant Mol. Biol.*, 22: 10131-1038). Otros promotores incluyen los promotores de *Arabidopsis* siguientes: YP0039, YP0101, YP0102, YP0110, YP0117, YP0119, YP0137, DME, YP0285, e YP0212. Otros promotores que pueden ser útiles incluyen los promotores de arroz siguientes: p530c10, pOsFIE2-2, pOsMEA, pOsYp102, y pOsYp285.

vi. Promotores de embrión

Las regiones reguladoras que preferentemente dirigen la transcripción en células cigóticas después de la fertilización pueden proporcionar expresión preferencial de embrión. Los más adecuados son los promotores que preferentemente dirigen la transcripción en embriones de estadio temprano antes del estadio de corazón, pero también es adecuada la expresión en embriones de estadio tardío y en maduración. Los promotores preferenciales de embriones incluyen el promotor de la proteína de transferencia de lípidos de cebada (Ltp1) (*Plant Cell Rep* (2001) 20: 647-654), YP0097, YP0107, YP0088, YP0143, YP0156, PT0650, PT0695, PT0723, PT0838, PT0879, y PT0740.

vii. Promotores de tejido fotosintético

Los promotores activos en tejido fotosintético confieren transcripción a tejidos verdes tales como hojas y tallos. Los más adecuados son promotores que dirigen la expresión sólo o predominantemente en dichos tejidos. Los ejemplos de dichos promotores incluyen los promotores de ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa (RbcS) tales como el promotor RbcS de alerce oriental (*Larix laricina*), el promotor cab6 de pino (Yamamoto *et al*, *Plant Cell Physiol*, 35: 773-778 (1994)), el promotor Cab-1 de trigo (Fejes *et al*, *Plant Mol Biol*, 15: 921-932 (1990)), el promotor CAB-1 de espinaca (Lubberstedt *et al*, *Plant Physiol*, 104: 997-1006 (1994)), el promotor cab1R de arroz (Luan *et al*, *Plant Cell*, 4: 971-981 (1992)), el promotor de piruvato ortofosfato diquinasa (PPDK) de maíz (Matsuoka *et al*, *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 90: 9586-9590 (1993)), el promotor Lhcb1*2 de tabaco (Cerdan *et al*, *Plant Mol Biol*, 33: 245-255 (1997)), el promotor SUC2 de importador de sacarosa-H⁺ de *Arabidopsis thaliana* (Truernit *et al*, *Planta*, 196: 564-570 (1995)), y promotores de proteínas de membrana tilacoide de espinaca (psaD, psaF, psaE, PC, FNR, atpC, atpD, cab, rbcS). Otros promotores de tejido fotosintético incluyen PT0535, PT0668, PT0886, YP0144, YP0380 y PT0585.

viii. Promotores de tejido vascular

Los ejemplos de promotores que tienen una actividad alta o preferencial en haces vasculares incluyen YP0087, YP0093, YP0108, YP0022, e YP0080. Otros promotores preferenciales de tejido vascular incluyen el promotor de la proteína GRP 1.8 de la pared celular rica en glicina (Keller y Baumgartner, *Plant Cell*, 3(10): 1051-1061 (1991)), el promotor del virus moteado amarillo de Commelina (CoYMV) (Medberry *et al.*, *Plant Cell*, 4(2): 185-192 (1992)), y el promotor del virus baciliforme de tungro de arroz (RTBV) (Dai *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 101(2): 687-692 (2004)).

ix. Promotores inducibles

Los promotores inducibles confieren transcripción en respuesta a estímulos externos tales como agentes químicos o estímulos medioambientales. Por ejemplo, los promotores inducibles pueden conferir transcripción en respuesta a hormonas tales como ácido giberélico o etileno, o en respuesta a la luz o sequía. Los ejemplos de promotores inducibles por sequía incluyen YP0380, PT0848, YP0381, YP0337, PT0633, YP0374, PT0710, YP0356, YP0385, YP0396, YP0388, YP0384, PT0688, YP0286, YP0377, PD1367, y PD0901. Los ejemplos de promotores inducibles por nitrógeno incluyen PT0863, PT0829, PT0665, y PT0886. Los ejemplos de promotores inducibles por sombra incluyen PR0924 y PT0678. Un ejemplo de un promotor inducido por sal es rd29A (Kasuga *et al.*, *Nature Biotech* 17: 287-291 (1999)).

x. Promotores basales

Un promotor basal es la secuencia mínima necesaria para el ensamblaje de un complejo de transcripción requerido para el inicio de la transcripción. Los promotores basales incluyen frecuentemente un elemento de "caja TATA" que puede estar localizado entre aproximadamente 15 y aproximadamente 35 nucleótidos en 5' del sitio del inicio de la transcripción. Los promotores basales también pueden incluir un elemento de "caja CCAAT" (típicamente la secuencia CCAAT) y/o una secuencia GGGCG, que puede estar localizado entre aproximadamente 40 y aproximadamente 200 nucleótidos, típicamente aproximadamente 60 a aproximadamente 120 nucleótidos, en 5' del sitio de inicio de la transcripción.

xi. Promotores de tallo

Un promotor de tallo puede ser específico para uno o más tejidos de tallo o específico para el tallo y otras partes de la planta. Los promotores de tallo pueden tener una actividad alta o preferencial, por ejemplo, en la epidermis y corteza, cambium vascular, procambium, o xilema. Los ejemplos de promotores de tallo incluyen YP0018 que se describe en US20060015970 y CryIA(b) y CryIA(c) (Braga *et al.*, *Journal of New Seeds* 5: 209-221 (2003)).

xii. Otros promotores

Otras clases de promotores incluyen, pero no están limitados a, promotores preferenciales de brote, preferenciales de callo, preferenciales de células del tricoma, preferenciales de células guarda tales como PT0678, preferenciales de tubérculo, preferenciales de células parenquimales, y preferenciales de senescencia. También pueden ser útiles los promotores designados YP0086, YP0188, YP0263, PT0758, PT0743, PT0829, YP0119, e YP0096, como se describe en las solicitudes de patente referenciadas anteriormente.

xiii. Otras regiones reguladoras

Una región no traducida 5' (UTR) puede incluirse en las construcciones de ácido nucleico descritas en la presente memoria. Una 5' UTR se transcribe, pero no se traduce, y se encuentra entre el sitio de inicio del transcrito y el codón de inicio de la traducción y puede incluir el nucleótido +1. Una 3' UTR puede posicionarse entre el codón de terminación de la traducción y el final del transcrito. Las UTR pueden tener funciones particulares tales como incremento de la estabilidad del ARNm o atenuación de la traducción. Los ejemplos de 3' UTR incluyen, pero no están limitadas a, señales de poliadenilación y secuencias de terminación de la transcripción, por ejemplo, una secuencia de terminación de nopalina sintasa.

Se entenderá que puede estar presente más de una región reguladora en un polinucleótido recombinante, por ejemplo, intrones, potenciadores, regiones de activación en 5', terminadores de la transcripción, y elementos inducibles. Así, por ejemplo, más de una región reguladora puede estar unida de manera operativa a la secuencia de un polinucleótido que codifica un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía.

Las regiones reguladoras, tales como promotores para genes endógenos, pueden obtenerse por síntesis química o por subclonación a partir de un ADN genómico que incluye dicha región reguladora. Un ácido nucleico que comprende dicha región reguladora también puede incluir secuencias flanqueantes que contienen sitios de enzimas de restricción que facilitan la manipulación posterior.

IV. Plantas y células de planta transgénicas

A. Transformación

La invención también presenta células de planta y plantas transgénicas que comprenden al menos una construcción de ácido nucleico recombinante descrita en la presente memoria. Una planta o célula de planta puede transformarse 5 teniendo una construcción integrada en su genoma, es decir, puede transformarse de manera estable. Las células transformadas de manera estable retienen típicamente el ácido nucleico introducido con cada división celular. Una planta o célula de planta también puede transformarse de manera transitoria de manera que la construcción no se integra en su genoma. Las células transformadas de manera transitoria pierden típicamente toda o alguna parte de la construcción de ácido nucleico introducida con cada división celular de manera que el ácido nucleico introducido 10 no puede detectarse en las células hijas después de un número suficiente de divisiones celulares. Tanto las plantas y células de planta transgénicas transformadas de manera transitoria como transformadas de manera estable pueden ser útiles en los métodos descritos en la presente memoria.

Las células de planta transgénicas usadas en los métodos descritos en la presente memoria pueden constituir parte o toda una planta completa. Dichas plantas pueden crecerse de una manera adecuada para la especie en 15 consideración, bien en una cámara de crecimiento, un invernadero, o en un campo. Las plantas transgénicas pueden mejorarse genéticamente como se desee para un propósito particular, por ejemplo, para introducir un ácido nucleico recombinante en otras líneas, para transferir un ácido nucleico recombinante en otras especies, o para una selección adicional de otros rasgos deseables. Alternativamente, las plantas transgénicas pueden propagarse vegetativamente para aquellas especies susceptibles a dichas técnicas. Tal y como se usa en la presente memoria, 20 una planta transgénica también se refiere a la progenie de una planta transgénica inicial siempre que la progenie herede el transgén. Las semillas producidas por una planta transgénica pueden crecerse y autofecundarse (o cruzarse exogámicamente y autofecundarse) para obtener semillas homocigotas para la construcción de ácido nucleico.

Las plantas transgénicas pueden crecerse en cultivo en suspensión, o cultivo de tejido u órgano. Para los propósitos de esta invención, pueden usarse técnicas de cultivo de tejidos sólidas y/o líquidas. Cuando se usa medio sólido, las 25 células de planta transgénicas pueden ponerse directamente en el medio o pueden ponerse en un filtro que entonces se pone en contacto con el medio. Cuando se usa medio líquido, las células de planta transgénicas pueden ponerse en un dispositivo de flotación, por ejemplo, una membrana porosa que está en contacto con el medio líquido. Un medio sólido puede ser, por ejemplo, medio de Murashige y Skoog (MS) que contiene agar y una 30 concentración adecuada de una auxina, por ejemplo, ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D), y una concentración adecuada de una citoquinina, por ejemplo, quinentina.

Cuando se usan células de planta transformadas de manera transitoria, puede incluirse en el procedimiento de transformación una secuencia informadora que codifica un polipéptido informador que tiene una actividad 35 informadora y puede realizarse un ensayo para la actividad o expresión del informador en un tiempo adecuado después de la transformación. Un tiempo adecuado para llevar a cabo el ensayo es típicamente aproximadamente 1-21 días después de la transformación, por ejemplo, aproximadamente 1-14 días, aproximadamente 1-7 días, o aproximadamente 1-3 días. El uso de ensayos transitorios es particularmente conveniente para un análisis rápido en diferentes especies, o para confirmar la expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía heterólogo cuya expresión no se ha confirmado previamente en células receptoras particulares.

Las técnicas para introducir ácidos nucleicos en plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas son conocidas en la 40 técnica, e incluyen, sin limitación, transformación mediada por *Agrobacterium*, transformación mediada por vectores virales, electroporación y transformación con pistola de partículas, por ejemplo, Patentes U.S. 5.538.880; 5.204.253; 6.329.571 y 6.013.863. Si se usa una célula o tejido cultivado como el tejido receptor para la transformación, las plantas pueden regenerarse a partir de los cultivos transformados si se desea, por técnicas conocidas por los 45 expertos en la técnica.

B. Cribado/selección

Una población de plantas transgénicas puede cribarse y/o seleccionarse para aquellos miembros de la población que tienen un rasgo o fenotipo conferido por la expresión del transgén. Por ejemplo, una población de progenie de 50 un único evento de transformación puede cribarse para aquellas plantas que tienen un nivel de expresión deseado de un polipéptido o ácido nucleico de tolerancia al calor y/o sequía. Pueden usarse métodos físicos y bioquímicos para identificar los niveles de expresión. Éstos incluyen análisis Southern o amplificación por PCR para la detección de un polinucleótido; transferencias Northern, protección de ARNasa S1, extensión con cebador, o amplificación por RT-PCR para detectar transcritos de ARN; ensayos enzimáticos para detectar actividad enzimática o de ribozima de polipéptidos y polinucleótidos; y electroforesis en gel de proteínas, transferencias Western, inmunoprecipitación, e 55 inmunoensayos ligados a enzima para detectar polipéptidos. También pueden usarse otras técnicas tales como hibridación *in situ*, tinción con enzimas, e inmunotinción para detectar la presencia o expresión de polipéptidos y/o polinucleótidos. Los métodos para llevar a cabo todas las técnicas referenciadas son conocidos. Como una alternativa, una población de plantas que comprende eventos independientes de transformación puede cribarse para aquellas plantas que tienen un rasgo deseado, tal como tolerancia incrementada a la sequía o tolerancia

incrementada al calor. La selección y/o cribado puede llevarse a cabo en una o más generaciones, y/o en más de una localización geográfica. En algunos casos, las plantas transgénicas pueden crecerse y seleccionarse en condiciones que inducen un fenotipo deseado o que son necesarias de otra manera para producir un fenotipo deseado en una planta transgénica. Además, la selección y/o cribado pueden aplicarse durante un estadio de desarrollo particular en el que se espera que el fenotipo se presente por la planta. La selección y/o cribado pueden llevarse a cabo para elegir aquellas plantas transgénicas que tienen una diferencia estadísticamente significativa en la tolerancia al calor y/o sequía respecto a una planta control que carece del transgén. Las plantas transgénicas seleccionadas o cribadas tienen un fenotipo alterado comparado con una planta control correspondiente, como se describe en la sección "Fenotipos de plantas transgénicas" en la presente memoria.

10 C. Especies de plantas

Los polinucleótidos y vectores descritos en la presente memoria pueden usarse para transformar un número de plantas y sistemas de células de plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas, incluyendo especies de una de las familias siguientes: *Acanthaceae*, *Alliaceae*, *Alstroemeriaceae*, *Amaryllidaceae*, *Apocynaceae*, *Arecaceae*, *Asteraceae*, *Berberidaceae*, *Bixaceae*, *Brassicaceae*, *Bromeliaceae*, *Cannabaceae*, *Caryophyllaceae*, *Cephalotaxaceae*, *Chenopodiaceae*, *Colchicaceae*, *Cucurbitaceae*, *Dioscoreaceae*, *Ephedraceae*, *Erythroxylaceae*, *Euphorbiaceae*, *Fabaceae*, *Lamiaceae*, *Linaceae*, *Lycopodiaceae*, *Malvaceae*, *Melanthiaceae*, *Musaceae*, *Myrtaceae*, *Nyssaceae*, *Papaveraceae*, *Pinaceae*, *Plantaginaceae*, *Poaceae*, *Rosaceae*, *Rubiaceae*, *Salicaceae*, *Sapindaceae*, *Solanaceae*, *Taxaceae*, *Theaceae*, o *Vitaceae*.

20 Las especies adecuadas pueden incluir miembros del género *Abelmoschus*, *Abies*, *Acer*, *Agrostis*, *Allium*, *Alstroemeria*, *Ananas*, *Andrographis*, *Andropogon*, *Artemisia*, *Arundo*, *Atropa*, *Berberis*, *Beta*, *Bixa*, *Brassica*, *Calendula*, *Camellia*, *Camptotheca*, *Cannabis*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Catharanthus*, *Cephalotaxus*, *Chrysanthemum*, *Cinchona*, *Citrullus*, *Coffea*, *Colchicum*, *Coleus*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Cynodon*, *Datura*, *Dianthus*, *Digitalis*, *Dioscorea*, *Elaeis*, *Ephedra*, *Erianthus*, *Erythroxylum*, *Eucalyptus*, *Festuca*, *Fragaria*, *Galanthus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Hevea*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Jatropha*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Lycopodium*, *Manihot*, *Medicago*, *Mentha*, *Miscanthus*, *Musa*, *Nicotiana*, *Oryza*, *Panicum*, *Papaver*, *Parthenium*, *Pennisetum*, *Petunia*, *Phalaris*, *Phleum*, *Pinus*, *Poa*, *Poinsettia*, *Populus*, *Rauwolfia*, *Ricinus*, *Rosa*, *Saccharum*, *Salix*, *Sanguinaria*, *Scopolia*, *Secale*, *Solanum*, *Sorghum*, *Spartina*, *Spinacea*, *Tanacetum*, *Taxus*, *Theobroma*, *Triticosecale*, *Triticum*, *Uniola*, *Veratrum*, *Vinca*, *Vitis*, y *Zea*.

30 Las especies adecuadas incluyen *Panicum* spp. o híbridos de éstas, *Sorghum* spp. o híbridos de éstas, zahína, *Miscanthus* spp. o híbridos de éstas, *Saccharum* spp. o híbridos de éstas, *Erianthus* spp., *Populus* spp., *Andropogon gerardii* (tallo azul alto), *Pennisetum purpureum* (hierba de elefante) o híbridos de éstas (por ejemplo, *Pennisetum purpureum* x *Pennisetum typhoidum*), *Phalaris arundinacea* (alpiste rojo), *Cynodon dactylon* (hierba de las Bermudas), *Festuca arundinacea* (festuca alta), *Spartina pectinata* (espartillo de pradera), *Medicago sativa* (alfalfa), *Arundo donax* (caña gigante) o híbridos de éstas, *Secale cereale* (centeno), *Salix* spp. (sauce), *Eucalyptus* spp. (eucalipto), *Triticosecale* (*Triticum* - trigo X centeno), *Tripsicum dactyloides* (zacate maicero), *Leymus cinereus* (centeno silvestre de cuenca), *Leymus condensatus* (centeno silvestre gigante), y bambú.

40 En algunas realizaciones, una especie adecuada puede ser una especie de sorgo salvaje, maleza, o cultivada tal como, pero no limitado a, *Sorghum alnum*, *Sorghum amplum*, *Sorghum angustum*, *Sorghum arundinaceum*, *Sorghum bicolor* (tal como bicolor, guinea, caudatum, kafir, y durra), *Sorghum brachypodium*, *Sorghum bulbosum*, *Sorghum burmahicum*, *Sorghum controversum*, *Sorghum drummondii*, *Sorghum ecarinatum*, *Sorghum exstans*, *Sorghum grande*, *Sorghum halepense*, *Sorghum interjectum*, *Sorghum intrans*, *Sorghum laxiflorum*, *Sorghum leiocladum*, *Sorghum macrospermum*, *Sorghum matarankense*, *Sorghum miliaceum*, *Sorghum nigrum*, *Sorghum nitidum*, *Sorghum plumosum*, *Sorghum propinquum*, *Sorghum purpureosericeum*, *Sorghum stipoideum*, *Sorghum sudanense*, *Sorghum timorense*, *Sorghum trichocladum*, *Sorghum versicolor*, *Sorghum virgatum*, *Sorghum vulgare*, o híbridos tales como *Sorghum* x *alnum*, *Sorghum* x zahína o *Sorghum* x *drummondii*.

Las especies adecuadas también incluyen *Helianthus annuus* (girasol), *Carthamus tinctorius* (alazor), *Jatropha curcas* (jatrofa), *Ricinus communis* (ricino), *Elaeis guineensis* (palma), *Linum usitatissimum* (lino), y *Brassica juncea*.

Las especies adecuadas también incluyen *Beta vulgaris* (remolacha), y *Manihot esculenta* (mandioca).

50 Las especies adecuadas también incluyen *Lycopersicon esculentum* (tomate), *Lactuca sativa* (lechuga), *Musa paradisiaca* (banana), *Solanum tuberosum* (patata), *Brassica oleracea* (brécol, coliflor, coles de bruselas), *Camellia sinensis* (té), *Fragaria ananassa* (fresa), *Theobroma cacao* (cacao), *Coffea arabica* (café), *Vitis vinifera* (uva), *Ananas comosus* (piña), *Capsicum annum* (pimiento picante y dulce), *Allium cepa* (cebolla), *Cucumis melo* (melón), *Cucumis sativus* (pepino), *Cucurbita maxima* (calabacín), *Cucurbita moschata* (calabacín), *Spinacea oleracea* (espínaca), *Citrullus lanatus* (sandía), *Abelmoschus esculentus* (ocra), y *Solanum melongena* (berenjena).

55 Las especies adecuadas también incluyen *Papaver somniferum* (adormidera), *Papaver orientale*, *Taxus baccata*, *Taxus brevifolia*, *Artemisia annua*, *Cannabis sativa*, *Camptotheca acuminata*, *Catharanthus roseus*, *Vinca rosea*, *Cinchona officinalis*, *Colchicum autumnale*, *Veratrum californica*, *Digitalis lanata*, *Digitalis purpurea*, *Dioscorea* spp., *Andrographis paniculata*, *Atropa belladonna*, *Datura stamonium*, *Berberis* spp., *Cephalotaxus* spp., *Ephedra sinica*, *Ephedra* spp., *Erythroxylum coca*, *Galanthus wornorii*, *Scopolia* spp., *Lycopodium serratum* (= *Huperzia serrata*),

Lycopodium spp., *Rauwolfia serpentina*, *Rauwolfia spp.*, *Sanguinaria canadensis*, *Hyoscyamus spp.*, *Calendula officinalis*, *Chrysanthemum parthenium*, *Coleus forskohlii*, y *Tanacetum parthenium*.

Las especies adecuadas también incluyen *Parthenium argentatum* (guayule), *Hevea spp.* (caucho), *Mentha spicata* (menta), *Mentha piperita* (menta), *Bixa orellana*, y *Alstroemeria spp.*

- 5 Las especies adecuadas también incluyen *Rosa spp.* (rosa), *Dianthus caryophyllus* (clavel), *Petunia spp.* (petunia) y *Poinsettia pulcherrima* (ponsetia).

Las especies adecuadas también incluyen *Nicotiana tabacum* (tabaco), *Lupinus albus* (lupino blanco), *Uniola paniculata* (avenas), *Agrostis (Agrostis spp.)*, *Populus tremuloides* (álamo temblón), *Pinus spp.* (pino), *Abies spp.* (abeto), *Acer spp.* (arce), *Hordeum vulgare* (cebada), *Poa pratensis* (hierba azul), *Lolium spp.* (hierba de centeno) y *Phleum pratense* (hierba timotea).

Así, los métodos y composiciones pueden usarse en un amplio rango de especies de plantas, incluyendo especies de los géneros de dicotiledóneas *Brassica*, *Carthamus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Jatropha*, *Parthenium*, *Populus*, y *Ricinus*; y los géneros de monocotiledóneas *Elaeis*, *Festuca*, *Hordeum*, *Lolium*, *Oryza*, *Panicum*, *Pennisetum*, *Phleum*, *Poa*, *Saccharum*, *Secale*, *Sorghum*, *Triticosecale*, *Triticum*, y *Zea*. En algunas realizaciones, una planta es un miembro de las especies *Panicum virgatum* (pasto varilla), *Sorghum bicolor* (sorgo, zahina), *Miscanthus giganteus* (miscanto), *Saccharum sp.* (caña de azúcar), *Populus balsamifera* (álamo), *Zea mays* (maíz), *Glycine max* (soja), *Brassica napus* (canola), *Triticum aestivum* (trigo), *Gossypium hirsutum* (algodón), *Oryza sativa* (arroz), *Helianthus annuus* (girasol), *Medicago sativa* (alfalfa), *Beta vulgaris* (remolacha), o *Pennisetum glaucum* (mijo perla).

20 En determinadas realizaciones, los polinucleótidos y vectores descritos en la presente memoria pueden usarse para transformar un número de plantas y sistemas de células de plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas, en los que dichas plantas son híbridos de diferentes especies o variedades de una especie específica (por ejemplo, *Saccharum sp. X Miscanthus sp.*, *Saccharum sp. X Sorghum sp.*, *Panicum virgatum x Panicum amarum*, *Panicum virgatum x Panicum amarulum*, y *Pennisetum purpureum x Pennisetum typhoidum*).

25 D. Fenotipos de plantas transgénicas

En algunas realizaciones, una planta en la que se modula la expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede tener una tolerancia incrementada al calor o tolerancia incrementada a la sequía. En algunos casos, una planta en la que se modula la expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede presentar tanto tolerancia al calor como tolerancia a la sequía. El fenotipo de una planta transgénica en la que se modula la expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía y una planta control correspondiente que bien carece del transgén o no expresa el transgén puede evaluarse en condiciones medioambientales particulares que son útiles para simular condiciones de sequía. El fenotipo de una planta transgénica en la que se modula la expresión de un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía y una planta control correspondiente también puede evaluarse en condiciones de choque térmico.

35 Por ejemplo, un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía descrito en la presente memoria puede expresarse en una planta transgénica, resultando en un crecimiento incrementado comparado con una planta que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de sequía o condiciones de choque térmico, o después de dichas condiciones. El crecimiento puede evaluarse con parámetros fisiológicos tales como, por ejemplo, altura de la planta, números de brotes nuevos, número de hojas nuevas, longitud de la hoja, área de la plántula, o número de semillas.

40 En algunos casos, una planta transgénica que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía descrito en la presente memoria puede presentar una altura que es de aproximadamente 5% hasta aproximadamente 100% mayor (por ejemplo, aproximadamente 5% hasta aproximadamente 12%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 40%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 7% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 15%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 90%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 45%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 40% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 45% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 50% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 55% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 95%; aproximadamente 75% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 80% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 90% hasta aproximadamente 95%; o aproximadamente 95% hasta aproximadamente 100% mayor) que una planta que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de sequía o condiciones de choque térmico, o después de dichas condiciones.

En algunos casos, una planta transgénica que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede presentar un área de hoja mayor o longitud de hoja mayor que una planta control correspondiente que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de choque térmico o condiciones de sequía, o después de dichas

condiciones. Por ejemplo, una planta transgénica a que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede tener un área de hoja que es 5% hasta aproximadamente 100% mayor (por ejemplo, aproximadamente 5% hasta aproximadamente 7%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 8% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 90%; aproximadamente 15% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 45%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 40%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 40% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 45% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 50% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 55% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 95%; aproximadamente 75% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 80% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 90% hasta aproximadamente 95%; o aproximadamente 95% hasta aproximadamente 100% mayor) que una planta control correspondiente que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de choque térmico o condiciones de sequía, o después de dichas condiciones. En otro ejemplo, una planta transgénica a que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede tener una longitud de hoja que es de aproximadamente 5% hasta aproximadamente 100% mayor (por ejemplo, aproximadamente 5% hasta aproximadamente 12%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 40%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 7% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 15%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 90%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 45%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 40% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 45% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 50% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 55% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 95%; aproximadamente 75% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 80% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 90% hasta aproximadamente 95%; o aproximadamente 95% hasta aproximadamente 100% mayor) que una planta control correspondiente que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de choque térmico o condiciones de sequía, o después de dichas condiciones.

En otros casos, cuando un polipéptido descrito en la presente memoria se expresa en una planta transgénica, la planta transgénica puede presentar un número de semillas (número de semillas por planta) de aproximadamente 10% hasta aproximadamente 95% mayor (por ejemplo, de aproximadamente 10% hasta aproximadamente 20%; de aproximadamente 10% hasta aproximadamente 50%; de aproximadamente 10% hasta aproximadamente 70%; de aproximadamente 20% hasta aproximadamente 60%; de aproximadamente 20% hasta aproximadamente 75%; de aproximadamente 25% hasta aproximadamente 85%; de aproximadamente 30% hasta aproximadamente 70%; de aproximadamente 35% hasta aproximadamente 90%; de aproximadamente 40% hasta aproximadamente 60%; de aproximadamente 40% hasta aproximadamente 85%; de aproximadamente 50% hasta aproximadamente 80%; de aproximadamente 50% hasta aproximadamente 90%; o de aproximadamente 70% hasta aproximadamente 90% mayor) que una planta control que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de choque térmico o condiciones de sequía. En determinados casos, cuando un polipéptido descrito en la presente memoria se expresa en una planta transgénica, la planta transgénica puede presentar un incremento en el peso de las semillas por planta de aproximadamente 5% hasta aproximadamente 100% mayor (por ejemplo, aproximadamente 5% hasta aproximadamente 12%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 40%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 7% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 15%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 90%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 45%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 40% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 45% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 50% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 55% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 95%; aproximadamente 75% hasta aproximadamente 100%; aproximadamente 80% hasta aproximadamente 90% hasta aproximadamente 95%; o aproximadamente 95% hasta aproximadamente 100% mayor) que el peso de las semillas en una planta que no expresa el polipéptido cuando se crece en condiciones de choque térmico o condiciones de sequía.

Las plantas transgénicas que expresan un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía también pueden presentar una velocidad de transpiración menor comparada con las plantas control con el mismo fondo genético. La velocidad de transpiración es otro parámetro fisiológico que es indicativo de lo bien que una planta puede tolerar condiciones de sequía. Por ejemplo, se espera que las plantas con una baja velocidad de transpiración pierdan agua más lentamente que las plantas con velocidades de transpiración mayores y, por lo tanto, se esperaría que soportaran mejor las condiciones de sequía (es decir, tienen una mejor tolerancia a la sequía). Cuando un polipéptido descrito

en la presente memoria se expresa en una planta transgénica, la planta transgénica puede presentar una velocidad de transpiración que se reduce aproximadamente un 0,25% a 100% (por ejemplo, 0,27%, 0,3%, 0,43%, 0,55%, 0,7%, 0,99%, 1%, 2%, 4%, 6%, 8%, 10%, 12%, 15%, 18%, 22%, 28%, 35%, 37%, 42%, 45%, 47%, 50%, 55%, 64%, 68%, 71%, 75%, 77%, 80%, 83%, 86%, 89%, 90%, 92%, 95%, 98%, ó 99%) comparado con la velocidad de transpiración en una planta control correspondiente cuando se crece en condiciones de sequía.

En algunos casos, una planta transgénica que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía descrito en la presente memoria puede presentar un cambio disminuido en la actividad fotosintética ($\Delta Fv/Fm$) después de exposición a condiciones de choque térmico comparado con una planta control correspondiente que no expresa el polipéptido cuando se crece en las mismas condiciones. En algunos casos, una planta transgénica que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía descrito en la presente memoria puede presentar un cambio incrementado en la actividad fotosintética ($AFv/Fm-D_2$) dos días después del tratamiento con choque térmico comparado con una planta control correspondiente que no expresa el polipéptido cuando se crece en las mismas condiciones. Por ejemplo, una planta transgénica que expresa un polipéptido de tolerancia al calor y/o sequía puede presentar una $\Delta Fv/Fm$ de aproximadamente 0,1 hasta aproximadamente 0,8 (por ejemplo, aproximadamente 0,2 hasta aproximadamente 0,28; aproximadamente 0,2 hasta aproximadamente 0,32; aproximadamente 0,22 hasta aproximadamente 0,35; aproximadamente 0,29 hasta aproximadamente 0,4; aproximadamente 0,3 hasta aproximadamente 0,45; aproximadamente 0,33 hasta aproximadamente 0,41; aproximadamente 0,35 hasta aproximadamente 0,5; aproximadamente 0,4 hasta aproximadamente 0,8; aproximadamente 0,46 hasta aproximadamente 0,52; aproximadamente 0,5 hasta aproximadamente 0,65; aproximadamente 0,5 hasta aproximadamente 0,8; aproximadamente 0,6 hasta aproximadamente 0,7; aproximadamente 0,6 hasta aproximadamente 0,9; aproximadamente 0,65 hasta aproximadamente 0,75; aproximadamente 0,7 hasta aproximadamente 0,9; o aproximadamente 0,75 hasta aproximadamente 0,8) o un intervalo de $\Delta Fv/Fm-D_2$ de aproximadamente 0,03 hasta aproximadamente 0,8 (por ejemplo, aproximadamente 0,03 hasta aproximadamente 0,08; aproximadamente 0,03 hasta aproximadamente 0,032; aproximadamente 0,04 hasta aproximadamente 0,05; aproximadamente 0,09 hasta aproximadamente 0,4; aproximadamente 0,05 hasta aproximadamente 0,5; aproximadamente 0,075 hasta aproximadamente 0,1; aproximadamente 0,08 hasta aproximadamente 0,2; aproximadamente 0,3 hasta aproximadamente 0,45; aproximadamente 0,33 hasta aproximadamente 0,41; aproximadamente 0,35 hasta aproximadamente 0,5; aproximadamente 0,4 hasta aproximadamente 0,8; aproximadamente 0,46 hasta aproximadamente 0,52; aproximadamente 0,5 hasta aproximadamente 0,65; aproximadamente 0,5 hasta aproximadamente 0,8; aproximadamente 0,6 hasta aproximadamente 0,7; aproximadamente 0,6 hasta aproximadamente 0,9; aproximadamente 0,65 hasta aproximadamente 0,75; aproximadamente 0,7 hasta aproximadamente 0,9; aproximadamente 0,75 hasta aproximadamente 0,85; o aproximadamente 0,8 hasta aproximadamente 0,9). En algunas realizaciones, la actividad fotosintética puede reducirse aproximadamente un 0,25% hasta aproximadamente 100% (por ejemplo, aproximadamente 0,25% hasta aproximadamente 0,4%, aproximadamente 0,25% hasta aproximadamente 1%, aproximadamente 0,25% hasta aproximadamente 5%, aproximadamente 0,5% hasta aproximadamente 10%, aproximadamente 1% hasta aproximadamente 5%, aproximadamente 1% hasta aproximadamente 10%, aproximadamente 2% hasta aproximadamente 8%, aproximadamente 3% hasta aproximadamente 20%, aproximadamente 5% hasta aproximadamente 7%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 5% hasta aproximadamente 45%, aproximadamente 8% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 20%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 10% hasta aproximadamente 90%; aproximadamente 15% hasta aproximadamente 25%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 45%; aproximadamente 20% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 40%; aproximadamente 25% hasta aproximadamente 99%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 30% hasta aproximadamente 70%; aproximadamente 40% hasta aproximadamente 50%; aproximadamente 45% hasta aproximadamente 60%; aproximadamente 50% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 55% hasta aproximadamente 75%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 80%; aproximadamente 60% hasta aproximadamente 95%; aproximadamente 75% hasta aproximadamente 99%; aproximadamente 80% hasta aproximadamente 99%; aproximadamente 90% hasta aproximadamente 95%; o aproximadamente 95% hasta aproximadamente 100%) comparado con la actividad fotosintética en una planta control correspondiente después de condiciones de choque térmico.

Típicamente, una diferencia en la tolerancia al calor y/o sequía en una planta transgénica respecto a una planta control se considera estadísticamente significativa a $p \leq 0,05$ con un método estadístico apropiado paramétrico o no paramétrico, por ejemplo, ensayo Chi cuadrado, ensayo de la t de Student, ensayo de Mann-Whitney, o ensayo F. En algunas realizaciones, una diferencia en la tolerancia al calor y/o sequía es estadísticamente significativa a $p < 0,1$, $p < 0,05$, o $p < 0,01$.

El fenotipo de una planta transgénica se evalúa respecto a una planta control. Se dice que una planta "no expresa" un polipéptido cuando la planta presenta menos de 10%, por ejemplo, menos de 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0,5%, 0,1%, 0,1%, ó 0,01%, de la cantidad de polipéptido o ARNm que codifica el polipéptido presentada por la planta de interés. La expresión puede evaluarse usando métodos incluyendo, por ejemplo, RT-PCR, transferencias Northern, protección de ARNasa S1, extensiones con cebador, transferencias Western, electroforesis en gel de proteínas, inmunoprecipitación, inmunoensayos ligados a enzima, ensayos con chip, y espectrometría de masas.

Debe indicarse que si un polipéptido se expresa bajo el control de un promotor preferencial de tejido o que se expresa ampliamente, la expresión puede evaluarse en la planta completa o en un tejido seleccionado. De manera similar, si un polipéptido se expresa en un momento particular, por ejemplo, en un momento particular en el desarrollo o después de inducción, la expresión puede evaluarse selectivamente en un periodo de tiempo deseado.

5 V. Mejora genética de las plantas

Los polimorfismos genéticos son diferencias discretas en la secuencia alélica en una población. Típicamente, un alelo que está presente a 1% o más se considera que es un polimorfismo genético. El descubrimiento de que los polipéptidos descritos en la presente memoria pueden incrementar la tolerancia al calor y/o sequía es útil en la mejora genética de plantas, porque los polimorfismos genéticos que presentan un grado de ligamiento con loci para dichos polipéptidos se correlacionan más probablemente con variación en la tolerancia al calor y/o sequía. Por ejemplo, los polimorfismos genéticos ligados a los loci para dichos polipéptidos son útiles más probablemente en programas de mejora genética asistidos por marcador para crear líneas que tienen tolerancia incrementada al calor y/o sequía.

Así, en la presente memoria se describen métodos para identificar si uno o más polimorfismos genéticos están asociados con tolerancia al calor y/o sequía. Dichos métodos implican determinar si los polimorfismos genéticos en una población dada presentan ligamiento con el locus para uno de los polipéptidos representados en las Figuras 1-16 y/o un homólogo funcional de éstos. La correlación se mide entre la variación en la tolerancia al calor y/o sequía en plantas de la población y la presencia del o de los polimorfismos genéticos de la población, identificado de esta manera si el o los polimorfismos genéticos están asociados o no con la variación para el rasgo. Si la presencia de un alelo particular se correlaciona de manera estadísticamente significativa con una modulación en la tolerancia al calor y/o sequía, el alelo está asociado con variación para el rasgo y es útil como un marcador para el rasgo. Si, por otra parte, la presencia de un alelo particular no se correlaciona de manera significativa con la modulación deseada, el alelo no está asociado con variación para el rasgo y no es útil como un marcador.

Dichos métodos son aplicables a poblaciones que contienen el polipéptido endógeno natural en lugar de un ácido nucleico exógeno que codifica el polipéptido, es decir, poblaciones que no son transgénicas para el ácido nucleico exógeno. Se apreciará, sin embargo, que las poblaciones adecuadas para uso en los métodos pueden contener un transgén para otro rasgo diferente, por ejemplo, resistencia a herbicida.

Los polimorfismos genéticos que son útiles en dichos métodos incluyen repeticiones simples de secuencias (SSR, o microsatélites), amplificación rápida de ADN polimórfico (RAPD), polimorfismos de nucleótidos únicos (SNP), polimorfismos de longitud de fragmento amplificado (AFLP) y polimorfismos de longitud de fragmento de restricción (RFLP). Los polimorfismos SSR pueden identificarse, por ejemplo, preparando sondas específicas de secuencia y amplificando el ADN molde de individuos en la población de interés por PCR. Por ejemplo, las técnicas de PCR pueden usarse para amplificar enzimáticamente un marcador genético asociado con una secuencia de nucleótidos que confiere un rasgo específico (por ejemplo, secuencias de nucleótidos descritas en la presente memoria). La PCR puede usarse para amplificar secuencias específicas de ADN así como ARN, incluyendo secuencias de ADN genómico total o ARN celular total. Cuando se usa ARN como una fuente de molde, puede usarse la transcriptasa inversa para sintetizar cadenas de ADN complementario (ADNc). Varios métodos de PCR se describen, por ejemplo, en PCR Primer: A Laboratory Manual, Dieffenbach y Dveksler, eds., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995.

Generalmente, la información de la secuencia de los polinucleótidos que flanquean la región de interés o más allá se emplea para diseñar cebadores oligonucleotídicos que son idénticos o similares en secuencia a las cadenas opuestas del molde que se va a amplificar. Los cebadores tienen típicamente una longitud de 14 a 40 nucleótidos, pero pueden variar de 10 nucleótidos a cientos de nucleótidos de longitud. El ADN molde y amplificado se desnaturaliza repetidamente a una alta temperatura para separar la doble cadena, entonces se enfría para permitir la hibridación de los cebadores y la extensión de las secuencias de nucleótidos a lo largo del microsatélite, lo que resulta en ADN suficiente para la detección de los productos de PCR. Si las sondas flanquean un SSR en la población, se producirán productos de PCR de diferentes tamaños. Véase, por ejemplo la Patente U.S. 5.766.847.

Los productos de PCR pueden analizarse cualitativamente o cuantitativamente usando varias técnicas. Por ejemplo, los productos de PCR pueden teñirse con una molécula fluorescente (por ejemplo, PicoGreen® u OliGreen®) y detectarse en disolución usando espectrofotometría o electroforesis capilar. En algunos casos, los productos de PCR pueden separarse en una matriz de gel (por ejemplo, agarosa o poli(acrilamida)) por electroforesis, y las bandas fraccionadas por tamaño que comprenden los productos de PCR pueden visualizarse usando tinciones de ácidos nucleicos. Las tinciones adecuadas pueden producir fluorescencia bajo luz UV (por ejemplo, Bromuro de etidio, GR Safe, SYBR® Green, o SYBR® Gold). Los resultados pueden visualizarse mediante transiluminación o epiiluminación, y puede adquirirse una imagen del patrón fluorescente usando una cámara o escáner, por ejemplo. La imagen puede procesarse y analizarse usando software especializado (por ejemplo, ImageJ) para medir y comparar la intensidad de una banda de interés frente a un estándar cargado en el mismo gel.

Alternativamente, los polimorfismos SSR pueden identificarse usando el o los productos de PCR como una sonda frente a transferencias Southern de diferentes individuos en la población. Véase, U.H. Refseth et al., (1997) *Electrophoresis* 18: 1519. Brevemente, los productos de PCR se separan por longitud mediante electroforesis en gel

y se transfieren a una membrana. Se aplican sondas de ADN específicas de SSR, tales como oligonucleótidos marcados con moléculas radiactivas, fluorescentes o cromogénicas, a la membrana e hibridan con los productos de PCR unidos con una secuencia de nucleótidos complementaria. El patrón de hibridación puede visualizarse por autorradiografía o por revelado del color en la membrana, por ejemplo.

- 5 En algunos casos, los productos de PCR pueden cuantificarse usando un sistema de detección de termociclador en tiempo real. Por ejemplo, la PCR cuantitativa en tiempo real puede usar un agente de tinción fluorescente que forma un complejo ADN-agente de tinción (por ejemplo, SYBR® Green), o una sonda de ADN que contiene un fluoróforo, tal como oligonucleótidos monocatenarios unidos covalentemente a un informador fluorescente o fluoróforo (por ejemplo, 6-carboxifluoresceína o tetraclorofluoresceína) y apantallador (por ejemplo, agente de unión al surco menor tetrametilrodamina o tripéptido de dihidrociclopírrindol). La señal fluorescente permite la detección del producto amplificado en tiempo real, indicando de esta manera la presencia de una secuencia de interés, y permitiendo la cuantificación del número de copias de una secuencia de interés en ADN celular o el nivel de expresión de una secuencia de interés a partir del ARNm celular.

15 La identificación de RFLP se discute, por ejemplo en Alonso-Blanco et al. (*Methods in Molecular Biology*, vol. 82, "Arabidopsis Protocols", p. 137-146, J.M. Martínez-Zapater y J. Salinas, eds., c. 1998 por Humana Press, Totowa, NJ); Burr ("Mapping Genes with Recombinant Inbreds", p. 249-254, en Freeling, M. y V. Walbot (Ed.), *The Maize Handbook*, c. 1994 por Springer-Verlag New York, Inc.: Nueva York, NY, EEUU; Berlín Alemania; Burr et al. *Genetics* (1998) 118: 519; y Gardiner, J. et al., (1993) *Genetics* 134: 917). Por ejemplo, para producir una biblioteca de RFLP enriquecida con secuencias expresadas en copia única o número bajo de copias, el ADN total puede digerirse con una enzima sensible a la metilación (por ejemplo, *Pst*I). El ADN digerido puede separarse por tamaño en un gel preparativo. Los fragmentos de polinucleótidos (500 a 2.000 pb) pueden escindir, eluirse y clonarse en un vector plasmídico (por ejemplo, pUC18). Las transferencias Southern de los digeridos de plásmido pueden ensayarse con ADN fragmentado total para seleccionar los clones que hibridan con las secuencias en copia única o número bajo de copias. Pueden ensayarse endonucleasas de restricción adicionales para incrementar el número de polimorfismos detectado.

20 La identificación de AFLP se discute, por ejemplo, en EP 0 534 858 y Pat. US 5.878.215. En general, el ADN celular total se digiere con una o más enzimas de restricción. Se ligan adaptadores específicos de la mitad de sitio de restricción a todos los fragmentos de restricción y los fragmentos se amplifican selectivamente con dos cebadores de PCR que tienen secuencias correspondientes específicas de adaptador y sitio de restricción. Los productos de PCR pueden visualizarse después del fraccionamiento por tamaño, como se ha descrito anteriormente.

25 En la presente memoria se describen métodos dirigidos a la mejora genética de una línea de plantas. Dichos métodos usan polimorfismos genéticos identificados como se describe anteriormente en un programa de mejora genética asistido por marcador para facilitar el desarrollo de líneas que tienen una tolerancia incrementada al calor y/o sequía. Una vez se identifica que un polimorfismo genético adecuado está asociado con variación para el rasgo, se identifican una o más plantas individuales que poseen el alelo polimórfico correlacionado con la variación deseada. Estas plantas se usan entonces en un programa de mejora genética para combinar el alelo polimórfico con una pluralidad de otros alelos en otros loci que están correlacionados con la variación deseada. Las técnicas adecuadas para uso en un programa de mejora genética de plantas son conocidas en la técnica e incluyen, sin limitación, retrocruzamiento, selección de masa, mejora genética de pedigrí, selección en masa, cruce con otra población y selección recurrente. Estas técnicas pueden usarse solas o en combinación con una o más técnicas adicionales en un programa de mejora genética. Así, cada planta identificada se autofecunda o cruza con una planta diferente para producir semilla que se germina para formar plantas de progenie. Al menos una de dichas plantas de progenie se autofecunda o cruza con una planta diferente para formar una generación de progenie posterior. El programa de mejora genética puede repetir las etapas de autofecundación o cruzamiento exogámico durante 0 a 5 generaciones adicionales según sea apropiado con el fin de conseguir la uniformidad y estabilidad deseadas en la línea de plantas resultante, que retiene el alelo polimórfico. En la mayor parte de los programas de mejora genética, el análisis para un alelo polimórfico particular se llevará a cabo en cada generación, aunque el análisis puede llevarse a cabo en generaciones alternantes si se desea.

30 En algunos casos, también se lleva a cabo la selección para otros rasgos útiles, por ejemplo, selección para resistencia fúngica o resistencia bacteriana. La selección para dichos otros rasgos puede llevarse a cabo antes, durante o después de la identificación de plantas individuales que poseen el alelo polimórfico deseado.

VI. Artículos de fabricación

35 Las plantas transgénicas proporcionadas en la presente memoria tienen varios usos en las industrias agrícolas y de producción de energía. Por ejemplo, las plantas transgénicas descritas en la presente memoria pueden usarse para preparar piensos y productos alimenticios. Dichas plantas, sin embargo, frecuentemente son particularmente útiles como una materia prima base para la producción de energía.

Las plantas transgénicas descritas en la presente memoria producen frecuentemente mayores rendimientos de grano y/o biomasa por hectárea, respecto a plantas control que carecen del ácido nucleico exógeno. En algunas realizaciones, dichas plantas transgénicas proporcionan rendimientos equivalentes o incluso incrementados de

grano y/o biomasa por hectárea respecto a plantas control cuando se crecen en condiciones de aportes reducidos tales como fertilizante y/o agua. Así, dichas plantas transgénicas pueden usarse para proporcionar una estabilidad del rendimiento con un menor coste de los aportes y/o bajo condiciones de medioambiente estresantes tales como sequía. En algunas realizaciones, las plantas descritas en la presente memoria tienen una composición que permite un procesamiento más eficiente en azúcares libres, y posteriormente etanol, para producción de energía. En algunas realizaciones, dichas plantas proporcionan rendimientos mayores de etanol, otras moléculas biocombustibles, y/o productos secundarios derivados de azúcar por kilogramo de material vegetal, respecto a plantas control. Al proporcionar rendimientos mayores en condiciones medioambientales estresantes tales como condiciones de sequía y/o condiciones de choque térmico, las plantas transgénicas descritas en la presente memoria mejoran la rentabilidad para granjeros y procesadores así como disminuyen los costes para los consumidores.

Las semillas de las plantas transgénicas descritas en la presente memoria pueden acondicionarse y embolsarse en material de envasado por medios conocidos en la técnica para formar un artículo de fabricación. El material de envasado tal como papel y tela es muy conocido en la técnica. Un envase de semillas puede tener una etiqueta, por ejemplo, una inscripción o etiqueta asegurada al material de envasado, una etiqueta impresa en el material de envasado, o una etiqueta insertada en el envase, que describe la naturaleza de las semillas contenidas en él.

La invención se describirá adicionalmente en los ejemplos siguientes, que no limitan el alcance de la invención descrito en las reivindicaciones.

VII. Ejemplos

Ejemplo 1 - Plantas transgénicas de Arabidopsis

Los símbolos siguientes se usan en los Ejemplos respecto a la transformación de *Arabidopsis*: T₁: transformante de primera generación; T₂: segunda generación, progenie de plantas T₁ auto-polinizadas; T₃: tercera generación, progenie de plantas T₂ auto-polinizadas; T₄: cuarta generación, progenie de plantas T₃ auto-polinizadas. Las transformaciones independientes se refieren como eventos.

Los ácidos nucleicos que se aislaron de plantas de *Arabidopsis thaliana*, y se clonaron en un vector plasmídico Ti, CRS338, bajo el control de un promotor 35S, promotor p32449, o promotor p326, según se indica. Cada construcción contenía un gen de fosfinotricina acetiltransferasa que confiere resistencia a Finale™ a las plantas transformadas. Las plantas de *Arabidopsis thaliana* de tipo salvaje ecotipo Wassilewskija (Ws) se transformaron separadamente con cada construcción. Las transformaciones se realizaron esencialmente como se describe en Bechtold *et al.*, *C.R. Acad. Sci. Paris*, 316: 1194-1199 (1993), introducido en plantas de *Arabidopsis*.

Las líneas transgénicas de *Arabidopsis* que contienen SEQ ID NO: 441, SEQ ID NO: 488, SEQ ID NO: 567, SEQ ID NO: 589, SEQ ID NO: 704, SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1260, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 363, SEQ ID NO: 310, SEQ ID NO: 159, SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 1008, o SEQ ID NO: 56 se designaron ME00029, ME00045, ME02190, ME02549, ME02865, ME03227, ME04477, ME18396, ME20095, ME02932, ME18240, ME20867, ME03268, ME06551, ME02401, o ME06919, respectivamente. La presencia de cada vector que contiene un ácido nucleico descrito anteriormente en la línea transgénica de *Arabidopsis* respectiva transformada con el vector se confirmó por resistencia a Finale™, amplificación por PCR de extracto de tejido de hoja verde, y/o secuenciación de los productos de PCR.

Ejemplo 2 - Cribado para tolerancia a la sequía en plántulas transgénicas de Arabidopsis

Se preparó sustrato a partir de 60% Sunshine Mix #5 (Sun Gro; Bellevue, Washington, EEUU) y 40% vermiculita. Para cada "superpool", se sembraron 3 bandejas de cultivo con aproximadamente 3.000 semillas. Antes de la siembra, cada bandeja de cultivo se regó con 2 L de agua filtrada y la superficie se humedeció. Las bandejas de cultivo se cubrieron con un domo de humedad y se mantuvieron en oscuridad a 4°C durante 3 días.

Después de 3 días de tratamiento frío, las bandejas de cultivo cubiertas con domos de humedad se transfirieron a un invernadero y se cubrieron con una lona (día 1). Los domos de humedad se retiraron en el día 4, o cuando los cotiledones están completamente expandidos. Cada bandeja de cultivo se regó con 2 L de agua en un día después de la retirada de los domos de humedad añadiendo agua filtrada a la parte inferior de la bandeja de cultivo y dejando 30-45 minutos para la absorción del agua. En los días 6 y 8, las bandejas de cultivo se evaluaron para resistencia a Finale3. En el día 10, las bandejas de cultivo sin agujero se retiraron de la parte inferior de cada bandeja de cultivo para acelerar el secado del sustrato. Las bandejas de cultivo se regaron en bandejas de cultivo sin agujero como anteriormente después de 2,5 semanas y 4 semanas. Los candidatos con altura incrementada, ramificación incrementada, silicuas normales, rosetas mayores, y floración persistente, comparado con las plántulas Ws de tipo salvaje que se crecieron y trataron en las mismas condiciones se seleccionaron para análisis en un ensayo de sequía crónica en sustrato.

Ensayo de sequía crónica en sustrato

Se preparó sustrato a partir de 60% Sunshine Mix #5 (Sun Gro; Bellevue, Washington, EEUU) y 40% vermiculita. Para cada evento candidato, se prepararon 24 macetas en una bandeja de cultivo de 24 macetas sin agujero con 28

gramos de sustrato seco en cada maceta, y se añadieron 4 L de agua filtrada a la bandeja. Se dejó que el agua empapara el sustrato y la superficie de la tierra se humedeció antes de la siembra. Para cada evento candidato, se sembraron 18 macetas con 3-5 semillas cada una de las semillas candidatas y se sembraron 6 macetas con 3-5 semillas cada una de semillas control de tipo salvaje. Las macetas sembradas se cubrieron con un domo de humedad y se mantuvieron en oscuridad a 4°C durante 3 días.

Después de 3 días de tratamiento frío, las macetas cubiertas con domos de humedad se transfirieron a una cámara de crecimiento Conviron® ajustada a 22°C, ciclo luz:oscuridad 16:8 horas, 70% de humedad, y 120 µE de intensidad de luz. Los domos de humedad se retiraron en el día 5, o cuando los cotiledones están completamente expandidos. Después de la retirada de los domos, cada maceta se irrigó hasta saturación con 0,5X disolución de Hoagland, dejando que drenara el exceso de disolución. Las plántulas se clarean a 1 por maceta. En el día 8 ó 9, las macetas se irrigaron hasta saturación con agua filtrada, dejando que drenara el exceso de agua después de aproximadamente 30 minutos de empape, y se registró el peso de cada bandeja de cultivo de 24 macetas. Cada maceta contenía aproximadamente 107 g de agua a saturación. Se dejó que cada maceta se seicara hasta aproximadamente 15% de saturación entre riegos. Se añadieron 30 g de agua en cada riego. El área de roseta se midió en el día 19. En el día 24, las plantas se tutoraron y se hicieron mediciones de la hoja más larga y la altura de la planta. La altura terminal de la planta se midió en el cese de la floración. Se dejó que las plantas se secaran y se midió el peso de las semillas. La resistencia a Finale de una hoja caulina se determinó en el día 24. La significancia de las mediciones de la tolerancia a la sequía se evaluó usando un ensayo de la t de Student de una cola, asumiendo varianza desigual, a $p \leq 0,5$.

20 Ejemplo 3 - Cribado para tolerancia al calor en plántulas transgénicas de Arabidopsis

Se prepararon placas de agar a partir del medio compuesto por 2,15 g/L sal MS (*PhytoTechnology Laboratories*®), 5 g/L sacarosa (Sigma), 0,7% agar (*PhytoTechnology Laboratories*®), pH 5,7. Para cada "superpool", se esterilizaron 3.000 semillas usando 30% Clorox que contenía 0,1% Tritón X-100 y se plaquearon en dos placas de agar a una densidad de 1.500 semillas por placa. Las placas se envolvieron con cinta transpirable y se mantuvieron en oscuridad a 4°C durante 3 días.

Después de 3 días de estratificación, las placas se transfirieron a una cámara de crecimiento Conviron® ajustada a 22°C, ciclo luz:oscuridad 16:8 horas, 70% de humedad, y 60 µE de intensidad de luz. Las plántulas se crecieron en la cámara durante 3,5-4 días. Para el choque térmico, las placas se pusieron en un incubador ajustado a 47°C durante 2 horas. Después del choque térmico, las placas se transfirieron de nuevo a la cámara de crecimiento Conviron® y se dejó que las plántulas se recuperaran y crecieran durante varios días (aproximadamente 7 días). Los candidatos con crecimiento radicular y verdor en las hojas incrementados, emergencia más rápida de hojas verdaderas fotosintéticamente activas y tamaño incrementado de rosetas, comparado con las plántulas Ws de tipo salvaje que se crecieron y trataron en las mismas condiciones, se seleccionaron para análisis en un ensayo de choque térmico.

35 **Ensayo de choque térmico I**

Las semillas se plaquearon en placas de agar de germinación con calor que contenían 45 mL de medio MS a mitad de concentración (2,15 g de sal MS (*PhytoTechnology Laboratories*®), 5 g de sacarosa (Sigma) y 0,7% agar (*PhytoTechnology Laboratories*®), por litro, pH 5,7) por placa Petri (cuadrada, 100 mm X 15 mm). En cada placa se plaqueó un evento transgénico (40 semillas) y 9 semillas control Ws de tipo salvaje. Las placas se envolvieron con cinta transpirable y se pusieron en oscuridad a 4°C durante 3 días. Las placas se transfirieron a una cámara de crecimiento Conviron® ajustada a 22°C, ciclo luz:oscuridad 16:8 horas y 70% de humedad con lámparas fluorescentes emitiendo una intensidad de luz de aproximadamente 60 µE.

Después de crecer las plantas en la cámara de crecimiento Conviron® durante 3-4 días, las placas se trataron a 47°C en un incubador Yamato IC800 durante 1 hora 50 minutos. Después del tratamiento con calor, las placas se pusieron de nuevo inmediatamente en la cámara de crecimiento Conviron®. En el 7º, 9º y 11º día a 22°C después del tratamiento con calor, las placas se escanearon usando un escáner Epson Perfection 4870. El área de cada plántula (área verde) se cuantificó usando el software WinRhizo (Regent Instruments). El estado transgénico de cada planta se evaluó por resistencia a Finale™.

El área de la plántula (una medida del crecimiento después del tratamiento con calor) de las plantas transgénicas se comparó con el de los controles agrupados que comprenden segregantes no transgénicos y controles Ws de tipo salvaje crecidos en la misma placa. La significancia de la tolerancia al calor se evaluó usando un ensayo de la t de Student de una cola, asumiendo varianza desigual, a $p \leq 0,5$.

Ensayo de choque térmico II

Las semillas se plaquearon en placas de agar de germinación con calor que contenían 45 mL de medio MS a mitad de concentración (2,15 g de sal MS (*PhytoTechnology Laboratories*®), 5 g de sacarosa (Sigma-Aldrich®) y 0,7% agar (*PhytoTechnology Laboratories*®), por litro, pH 5,7) por placa Petri (cuadrada, 100 mm X 15 mm). En cada placa se plaquearon un evento transgénico (30 semillas), 4 semillas control Ws de tipo salvaje, y 2 semillas de un control transgénico positivo. Las placas se envolvieron con cinta transpirable y se pusieron en oscuridad a 4°C

durante 3 días, Las placas se transfirieron a una cámara de crecimiento Conviron® ajustada a 22°C, ciclo luz:oscuridad 16:8 horas. y 70% de humedad con lámparas fluorescentes emitiendo una intensidad de luz de aproximadamente 60 µE.

5 Después de crecer las plantas en la cámara de crecimiento Conviron® durante 11 días, las placas se escanearon usando un generador de imágenes CF (Technologica) para registrar la eficiencia de operación de PSII ($\Delta\Phi_{PSII}$) y el área de la plántula. Las placas se transfirieron a una cámara de calor vertical ("reach-in") Conviron® ajustada a 42°C durante 5 horas. Después del tratamiento con calor, las plantas se escanearon inmediatamente usando el generador de imágenes CF, y se transfirieron de nuevo a la cámara de crecimiento Conviron®. Después de 2 y 4 días de recuperación en la cámara de crecimiento, las placas se escanearon de nuevo usando el generador de imágenes CF. El estado transgénico de cada planta se evaluó por resistencia a Finale™.

10 Se calcularon las diferencias en la eficiencia de operación de PSII y el tamaño de las plántulas antes del choque térmico, inmediatamente después del choque térmico, y después de la recuperación después del choque térmico. Las diferencias en la eficiencia de operación de PSII y el tamaño de las plántulas de las plantas transgénicas se compararon con los controles combinados que comprendían segregantes no transgénicos y controles Ws de tipo salvaje crecidos en la misma placa. La significancia de la tolerancia al calor se evaluó usando un ensayo de la t de Student de una cola, asumiendo varianza desigual, a $p \leq 0,5$.

Ejemplo 4 - Resultados para eventos ME00029

20 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME00029 que contenían SEQ ID NO: 441 bajo el control de un promotor p32449 para área de roseta, altura terminal de la planta, y rendimiento de semillas como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 1.

Tabla 1: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME00029

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME00029	Área de Roseta	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME00029	Área de Roseta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME00029	Hoja más Larga	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME00029	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME00029	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME00029	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME00029	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME00029	Rendimiento de Semillas	N.S.	Sig.

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra (n<5); N.S. - no significativo; Sig. - significativo ($p \leq 0,5$).

Ejemplo 5 - Resultados para eventos ME00045

25 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de tres eventos de ME00045 que contenían SEQ ID NO: 488 bajo el control de un promotor p32449 para área de roseta, altura terminal de la planta, mayor longitud de hoja, y rendimiento de semillas como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 2.

Tabla 2: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME00045

Plantas	Medición	Población Control		
		Interna	Combinada	Ws
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME00045	Área de Roseta	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T₃ del evento -02 de ME00045	Área de Roseta	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -07 de ME00045	Área de Roseta	N.A.	N.S.	Sig.
Plántulas T₂ del evento -07 de ME00045	Área de Roseta	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -08 de ME00045	Área de Roseta	N.A.	N.S.	Sig.
Plántulas T₂ del evento -08 de ME00045	Área de Roseta	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME00045	Hoja Más Larga	Sig.	Sig.	Sig.
Plántulas T₃ del evento -02 de ME00045	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -07 de ME00045	Hoja Más Larga	N.A.	N.S.	Sig.
Plántulas T₂ del evento -07 de ME00045	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -08 de ME00045	Hoja Más Larga	N.A.	N.S.	Sig.
Plántulas T₂ del evento -08 de ME00045	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME00045	Altura Terminal de la Planta	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T₃ del evento -02 de ME00045	Altura Terminal de la Planta	N.S.	N.S.	N.S.*
Plántulas T ₂ del evento -07 de ME00045	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.	Sig.
Plántulas T₂ del evento -07 de ME00045	Altura Terminal de la Planta	N.S.	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -08 de ME00045	Altura Terminal de la Planta	N.A.	N.S.*	N.S.
Plántulas T₂ del evento -08 de ME00045	Altura Terminal de la Planta	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME00045	Rendimiento de Semillas	Sig.	N.S.*	Sig.
Plántulas T₃ del evento -02 de ME00045	Rendimiento de Semillas	N.S.	N.S.	N.S.

Plántulas T ₂ del evento -07 de ME00045	Rendimiento de Semillas	N.A.	N.S.	N.S.
Plántulas T₂ del evento -07 de ME00045	Rendimiento de Semillas	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -08 de ME00045	Rendimiento de Semillas	N.A.	N.S.*	Sig.
Plántulas T₂ del evento -08 de ME00045	Rendimiento de Semillas	N.S.	N.S.	Sig.

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra; N.S. - no significativo ($p > 0,10$); N.S.* - no significativo ($0,5 < p < 0,10$); Sig. - significativo ($p < 0,5$). Los datos en negrita representan un segundo replicado independiente.

5 Ejemplo 6 - Resultados para eventos ME02190

Se analizaron semillas T₂ y T₄ de dos eventos de ME02190 que contenían SEQ ID NO: 567 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura terminal de la planta, y mayor longitud de hoja como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 3.

Tabla 3: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME02190

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -10 de ME02190	Área de Roseta	N.S.	Sig.
Plántulas T ₄ del evento -02 de ME02190	Hoja más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -10 de ME02190	Hoja más Larga	N.S.	Sig.
Plántulas T ₄ del evento -02 de ME02190	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -10 de ME02190	Altura Terminal de la Planta	N.S.	Sig.

10 N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra ($n < 5$); N.S. - no significativo; Sig. - significativo ($p \leq 0,5$).

Ejemplo 7 - Resultados para eventos ME02549

15 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de tres eventos de ME02549 que contenían SEQ ID NO: 589 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura terminal de la planta, y mayor longitud de hoja como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 4.

Tabla 4: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME02549

Plantas	Medición	Población Control		
		Interna	Combinada	Ws
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME02549	Área de Roseta	Sig.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME02549	Área de Roseta	Sig.	N.S.	N.S.

Plántulas T ₂ del evento -02 de ME02549	Área de Roseta	N.S.*	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME02549	Área de Roseta	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02549	Área de Roseta	N.A.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME02549	Área de Roseta	N.S.	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME02549	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME02549	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME02549	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME02549	Altura Terminal de la Planta	N.A.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME02549	Altura Terminal de la Planta	N.S.	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME02549	Altura Terminal de la Planta	N.S.	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02549	Altura Terminal de la Planta	N.A.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME02549	Altura Terminal de la Planta	Sig.	N.S.	Sig.

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra (n<5); N.S. - no significativo; N.S.* - no significativo (0,5<p<0,10); Sig. - significativo (p<0,5).

Ejemplo 8 - Resultados para eventos ME02865

- 5 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME02865 que contenían SEQ ID NO: 704 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura terminal de la planta, mayor longitud de hoja, y peso de las semillas como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 5.

Tabla 5: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME02865

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME02865	Área de Roseta	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02-01 de ME02865	Área de Roseta	-	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02-02 de ME02865	Área de Roseta	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02865	Área de Roseta	-	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05-01 de ME02865	Área de Roseta	-	Sig.

ES 2 535 011 T3

Plántulas T ₃ del evento -05-02 de ME02865	Área de Roseta	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME02865	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02-01 de ME02865	Hoja Más Larga	-	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02-02 de ME02865	Hoja Más Larga	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02865	Hoja Más Larga	-	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05-01 de ME02865	Hoja Más Larga	-	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -05-02 de ME02865	Hoja Más Larga	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME02865	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -02-01 de ME02865	Altura Terminal de la Planta	-	N.S.*
Plántulas T ₃ del evento -02-02 de ME02865	Altura Terminal de la Planta	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02865	Altura Terminal de la Planta	-	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05-01 de ME02865	Altura Terminal de la Planta	-	N.S.*
Plántulas T ₃ del evento -05-02 de ME02865	Altura Terminal de la Planta	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME02865	Peso de las Semillas	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02-01 de ME02865	Peso de las Semillas	-	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -02-02 de ME02865	Peso de las Semillas	Sig.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02865	Peso de las Semillas	-	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05-01 de ME02865	Peso de las Semillas	-	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -05-02 de ME02865	Peso de las Semillas	N.S.	N.S.*

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra ($n < 5$); N.S. - no significativo; N.S.* - no significativo ($0,5 < p < 0,10$); Sig. - significativo ($p < 0,5$).

Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME02865 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -02 y -05 de ME02865 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 9 - Resultados para eventos ME03227

Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME03227 que contenían SEQ ID NO: 710 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura terminal de la planta, y mayor longitud de hoja como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 6.

5 **Tabla 6: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME03227**

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME03227	Área de Roseta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME03227	Área de Roseta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME03227	Área de Roseta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME03227	Área de Roseta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME03227	Hoja más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME03227	Altura Terminal de la Planta	N.A.	N.S.*
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME03227	Altura Terminal de la Planta	N.A.	N.S.*

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra (n<5); N.S. - no significativo; N.S.* - no significativo (0,5<p<0,10); Sig. - significativo (p≤0,5).

Ejemplo 10 - Resultados para eventos ME04477

10 Se analizaron semillas T₂ de cinco eventos de ME04477 que contenían SEQ ID NO: 1241 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura terminal de la planta, y mayor longitud de hoja como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 7.

Tabla 7: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME04477

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME04477	Área de Roseta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME04477	Hoja más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME04477	Hoja más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME04477	Hoja más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME04477	Hoja más Larga	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME04477	Hoja más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME04477	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.

Plántulas T ₂ del evento -02 de ME04477	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME04477	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME04477	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME04477	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra (n<5); N.S. - no significativo; Sig. - significativo (p<0,5).

Ejemplo 11 - Resultados para eventos ME18396

- 5 Se analizaron semillas T₂ de un evento de ME18396 que contenían SEQ ID NO: 1260 bajo el control de un promotor p326 para área de roseta y altura terminal de la planta como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 8.

Tabla 8: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME18396

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME18396	Área de Roseta	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME18396	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.

N.S. - no significativo; Sig. - significativo (p<0,5).

- 10 Ejemplo 12 - Resultados para eventos ME20095

Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME20095 que contenían SEQ ID NO: 1128 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, mayor longitud de hoja, altura terminal de la planta, y rendimiento de semillas como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 9.

Tabla 9: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME20095

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME20095	Área de Roseta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01-01 de ME20095	Área de Roseta	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -01-02 de ME20095	Área de Roseta	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME20095	Área de Roseta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -04-01 de ME20095	Área de Roseta	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -04-02 de ME20095	Área de Roseta	N.S.	N.S.*
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME20095	Hoja Más Larga	N.S.	Sig.

ES 2 535 011 T3

Plántulas T ₃ del evento -01-01 de ME20095	Hoja Más Larga	Sig..	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01-02 de ME20095	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME20095	Hoja Más Larga	Sig..	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -04-01 de ME20095	Hoja Más Larga	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -04-02 de ME20095	Hoja Más Larga	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME20095	Altura Terminal de la Planta	N.S.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01-01 de ME20095	Altura Terminal de la Planta	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01-02 de ME20095	Altura Terminal de la Planta	N.S.	N.S.*
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME20095	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -04-01 de ME20095	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -04-02 de ME20095	Altura Terminal de la Planta	N.S.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME20095	Peso de las Semillas	Sig.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01-01 de ME20095	Peso de las Semillas	Sig.	N.S.*
Plántulas T ₃ del evento -01-02 de ME20095	Peso de las Semillas	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME20095	Peso de las Semillas	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -04-01 de ME20095	Peso de las Semillas	N.S.	N.S.
Plántulas T ₃ del evento -04-02 de ME20095	Peso de las Semillas	N.S.	N.S.

N.S. - no significativo; N.S.* - no significativo (0,5<p<0,10); Sig. - significativo (p<0,5).

- 5 Las plantas T₁ ME20095 mostraron una floración retardada y crecimiento vegetativo prolongado comparado con las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -02 y -04 de ME20095 y las plantas control en germinación, inicio de la floración, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecieron en condiciones estándar. El área de roseta en las plantas T₂ de los eventos -02 y -04 fue significativamente mayor y el rendimiento de semillas se incrementó comparado con las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar.

Ejemplo 13 - Resultados para eventos ME02401

- 10 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME02401 que contenían SEQ ID NO: 1188 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura terminal de la planta, y mayor longitud de hoja como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 10.

Tabla 10: Respuesta a la sequía crónica de plántulas de ME02401

Plantas	Medición	Población Control	
		Interna	Combinada
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02401	Área de Roseta	N.A.	N.S.*
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME02401	Hoja Más Larga	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02401	Hoja Más Larga	N.A.	Sig.
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME02401	Altura Terminal de la Planta	Sig.	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME02401	Altura Terminal de la Planta	N.A.	Sig.

N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra (n<5); N.S. - no significativo; N.S.* - no significativo (0,5<p<0,10); Sig. - significativo (p<0,5).

Ejemplo 14 - Resultados para eventos ME02932

- 5 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME02932 que contenían SEQ ID NO: 59 bajo el control de un promotor 35S para área de plántula después de un ensayo de Choque Térmico I como se describe en el Ejemplo 3. Los resultados se proporcionan en la Tabla 11.

Tabla 11: Área de la plántula de ME02932 después de un ensayo de Choque Térmico I

Plantas	Área promedio de la plántula	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME02932	0,07	0,008	33	8,77E-04
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -01 de ME02932	0,04	0,006	15	
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME02932	0,10	0,003	40	2,21E-04
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -01 de ME02932	0,07	0,007	9	
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME02932	0,08	0,012	21	1,29E-02
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -03 de ME02932	0,04	0,009	23	
Plántulas T ₃ del evento -03 de ME02932	0,09	0,004	36	1,54E-03
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -03 de ME02932	0,07	0,005	13	

- 10 Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME02932 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -01 y -03 de ME02932 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 15 - Resultados para eventos ME18240

- 15 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de tres eventos de ME18240 que contenían SEQ ID NO: 363 bajo el control de un promotor 35S para área de plántula después de un ensayo de Choque Térmico I y cambio en actividad fotosintética durante un ensayo de Choque Térmico II como se describe en el Ejemplo 3. Los resultados se proporcionan en las Tablas 12 y 13.

Tabla 12: Área de la plántula ME18240 después de un ensayo de Choque Térmico I

Plantas	Área promedio de la plántula	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME18240	0,08	0,007	27	4,22E-08
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -02 de ME18240	0,03	0,004	16	
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME18240	0,14	0,007	31	5,83E-11
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -02 de ME18240	0,06	0,007	14	
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME18240	0,13	0,007	35	3,31E-05
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -03 de ME18240	0,08	0,01	14	
Plántulas T ₃ del evento -03 de ME18240	0,14	0,008	28	5,13E-06
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -03 de ME18240	0,09	0,008	19	
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME18240	0,13	0,008	33	2,39E-07
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -04 de ME18240	0,06	0,009	16	
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME18240	0,13	0,008	29	4,68E-05
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -04 de ME18240	0,08	0,008	18	

Tabla 13: $\Delta Fv/Fm$ de ME18240 en respuesta al ensayo de Choque térmico II

Plantas	$\Delta Fv/Fm$ promedio	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME18240	0,24	0,013	47	3,64E-05
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -02 de ME18240	0,32	0,016	25	
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME18240	0,36	0,012	43	1,92E-04
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -02 de ME18240	0,43	0,016	22	
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME18240	0,24	0,010	41	9,27E-11
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -03 de ME18240	0,37	0,011	28	

Plántulas T ₃ del evento -03 de ME18240	0,33	0,011	24	1,91E-02
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -03 de ME18240	0,39	0,022	10	
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME18240	0,21	0,009	43	5,55E-17
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -04 de ME18240	0,40	0,007	29	
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME18240	0,28	0,011	46	9,38E-11
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -04 de ME18240	0,41	0,008	21	

En la que $\Delta Fv/Fm = Fv/Fm$ antes del choque térmico - Fv/Fm después del choque térmico.

5 Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME18240 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -02, -03, y -04 de ME18240 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 16 - Resultados para eventos ME20867

10 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de cuatro eventos de ME20867 que contenían SEQ ID NO: 310 bajo el control de un promotor 35S para área de plántula después de un ensayo de Choque Térmico I y cambio en actividad fotosintética durante un ensayo de Choque Térmico II como se describe en el Ejemplo 3. Los resultados se proporcionan en las Tablas 14 y 15.

Tabla 14: Área de la plántula de ME20867 en respuesta al ensayo de Choque Térmico I

Plantas	Área promedio de la plántula	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME20867	0,14	0,008	28	4,86E-07
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -01 de ME20867	0,07	0,011	12	
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME20867	0,07	0,007	31	9,84E-10
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -01 de ME20867	0,01	0,010	16	
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME20867	0,13	0,006	37	1,03E-02
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -02 de ME20867	0,08	0,024	3	
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME20867	0,09	0,006	32	6,01E-07
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -02 de ME20867	0,02	0,011	9	
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME20867	0,12	0,006	31	1,47E-02

ES 2 535 011 T3

Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -04 de ME20867	0,10	0,010	9	
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME20867	0,03	0,005	20	2,14E-04
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -04 de ME20867	0,01	0,007	12	
Plántulas T ₂ del evento -05 de ME20867	0,11	0,009	30	1,51E-02
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -05 de ME20867	0,08	0,012	10	
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME20867	0,03	0,004	23	1,98E-04
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -05 de ME20867	0,01	0,005	20	

Tabla 15: $\Delta Fv/Fm - D_2$ de ME20867 en respuesta al ensayo de Choque térmico II

Plantas	$\Delta Fv/Fm - D_2$ promedio	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME20867	0,03	0,012	33	2,17E-08
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -01 de ME20867	-0,07	0,008	12	
Plántulas T ₃ del evento -01 de ME20867	0,21	0,010	44	3,71E-12
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -01 de ME20867	0,06	0,015	22	
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME20867	0,06	0,011	25	9,39E-11
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -02 de ME20867	-0,10	0,006	12	
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME20867	0,25	0,012	50	4,79E-08
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -02 de ME20867	0,06	0,029	16	
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME20867	0,17	0,010	43	8,71E-11
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -04 de ME20867	0,03	0,014	22	
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME20867	0,16	0,011	24	1,39E-03
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -04 de ME20867	0,06	0,027	9	

Plántulas T ₂ del evento -05 de ME20867	0,21	0,016	28	1,35E-09
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -05 de ME20867	0,07	0,012	31	
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME20867	0,24	0,015	19	3,72E-03
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -05 de ME20867	0,18	0,015	14	

$\Delta Fv/Fm-D_2 = Fv/Fm$ inmediatamente después del choque térmico - Fv/Fm después de 2 días de recuperación.

5 Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME20867 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -01, -02, -04 y -05 de ME20867 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 17 - Resultados para eventos ME03268

10 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de un evento de ME03268, y semillas T₃ y T₄ de un evento de ME03268, conteniendo cada una SEQ ID NO: 159 bajo el control de un promotor 35S para área de plántula después de un ensayo de Choque Térmico I como se describe en el Ejemplo 3. Los resultados se proporcionan en la Tabla 16.

Tabla 16: Área de la plántula de ME03268 en respuesta al ensayo de Choque Térmico I

Plantas	Área promedio de la plántula	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME03268	0,165	0,015	26	1,09E-03
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -02 de ME03268	0,070	0,024	3	
Plántulas T ₃ del evento -02 de ME03268	0,137	0,009	40	1,97E-07
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -02 de ME03268	0,048	0,012	9	
Plántulas T ₃ del evento -03 de ME03268	0,062	0,007	26	3,65E-02
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -03 de ME03268	0,037	0,011	4	
Plántulas T ₄ del evento -03 de ME03268	0,094	0,008	30	3,96E-03
Segregantes no transgénicos T ₄ del evento -03 de ME03268	0,054	0,012	10	

15 Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME03268 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -02 y -03 de ME03268 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 18 - Resultados para eventos ME06551

20 Se analizaron semillas T₃ y T₄ de dos eventos de ME06551 que contenían SEQ ID NO: 1 bajo el control de un promotor 35S para el cambio en la actividad fotosintética durante un ensayo de Choque Térmico II como se describe en el Ejemplo 3. Los resultados se proporcionan en la Tabla 17.

Tabla 17: $\Delta Fv/Fm$ de ME06551 en respuesta al ensayo de Choque térmico II

Plantas	$\Delta Fv/Fm$ promedio	SE	N	valor p
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME06551	0,42	0,016	11	1,32E-02
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -04 de ME06551	0,47	0,012	15	
Plántulas T ₄ del evento -04 de ME06551	0,39	0,006	49	4,73E-03
Segregantes no transgénicos T ₄ del evento -04 de ME06551	0,43	0,014	11	
Plántulas T ₃ del evento -05 de ME06551	0,39	0,013	11	4,21E-04
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -05 de ME06551	0,46	0,010	13	
Plántulas T ₄ del evento -05 de ME06551	0,39	0,007	50	4,79E-02
Segregantes no transgénicos T ₄ del evento -05 de ME06551	0,41	0,010	17	

En la que $\Delta Fv/Fm = Fv/Fm$ antes del choque térmico - Fv/Fm después del choque térmico.

5 Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME06551 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -04 y -05 de ME06551 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 19 - Resultados para eventos ME06919

10 Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME06919 que contenían SEQ ID NO: 56 bajo el control de un promotor 35S para el cambio en la actividad fotosintética durante un ensayo de Choque Térmico II como se describe en el Ejemplo 3. Los resultados se proporcionan en la Tabla 18.

Tabla 18: $\Delta Fv/Fm$ de ME06919 en respuesta al ensayo de Choque térmico II

Plantas	$\Delta Fv/Fm$ promedio	SE	N	valor p
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME06919	0,433	0,007	65	2,55E-09
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -03 de ME06919	0,497	0,008	37	
Plántulas T ₃ del evento -03 de ME06919	0,281	0,013	46	1,87E-03
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -03 de ME06919	0,341	0,015	18	
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME06919	0,490	0,007	21	3,06E-04
Segregantes no transgénicos T ₂ del evento -04 de ME06919	0,531	0,009	26	
Plántulas T ₃ del evento -04 de ME06919	0,296	0,006	44	6,15E-08
Segregantes no transgénicos T ₃ del evento -04 de ME06919	0,412	0,018	18	

En la que $\Delta Fv/Fm = Fv/Fm$ antes del choque térmico - Fv/Fm después del choque térmico.

Las apariencias físicas de las plantas T₁ ME06919 fueron similares a las de las plantas control correspondientes crecidas en condiciones estándar. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₂ de los eventos -03 y -04 de ME06919 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, área de roseta, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

5 Ejemplo 20 - Resultados para eventos ME04246

Se analizaron semillas T₂ y T₃ de dos eventos de ME04246 que contenían SEQ ID NO: 1362 bajo el control de un promotor 35S para área de roseta, altura de planta terminal, y mayor longitud de hoja como se describe en el Ejemplo 2. Los resultados se proporcionan en la Tabla 19.

Tabla 19: Respuesta a sequía crónica de plántulas de ME04246

Plantas	Medición	Población Control		
		Interna	Combinada	Ws
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME04246	Hoja Más Larga	Sig.	Sig.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -03 de ME04246	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME04246	Hoja Más Larga	N.S.	N.S.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -01 de ME04246	Biomasa Seca	N.A.	N.S.*	Sig.
Plántulas T ₂ del evento -02 de ME04246	Biomasa Seca	N.A.	N.A.	N.S.
Plántulas T ₂ del evento -04 de ME04246	Biomasa Seca	N.A.	N.S.*	Sig.

10 N.A. - resultados no disponibles debido a un tamaño insuficiente de la muestra (n<5); N.S. - no significativo; N.S.* - no significativo (0,5<p<0,10); Sig. - significativo (p<0,5).

15 Las plantas T₂ ME04246 mostraron una biomasa vegetativa incrementada comparada con las plantas control correspondientes en condiciones de agua limitada según se mide directamente y en un grado menor por la mayor longitud de hoja. No hubo diferencias observables o estadísticamente significativas entre las plantas T₁ de los eventos 01, -03 y -04 de ME04246 y las plantas control en la germinación, inicio de la floración, fertilidad, y morfología/arquitectura general cuando se crecen en condiciones estándar.

Ejemplo 21 - Determinación de homólogos funcionales por BLAST recíproco

20 Una secuencia candidata se consideró un homólogo funcional de una secuencia de referencia si las secuencias candidata y de referencia codificaban proteínas que tenían una función y/o actividad similar. Se usó un proceso conocido como BLAST Recíproco (Rivera *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 95: 6239-6244 (1998)) para identificar secuencias homólogas funcionales potenciales a partir de bases de datos que consistían en todas las secuencias peptídicas públicas y patentadas disponibles, incluyendo NR de NCBI y traducciones peptídicas de clones Ceres.

25 Antes de empezar un proceso BLAST Recíproco, se buscó un polipéptido de referencia específico frente a todos los péptidos de su especie fuente usando BLAST con el fin de identificar polipéptidos que tienen una identidad de secuencia BLAST de 80% o más con el polipéptido de referencia y una longitud de alineamiento de 85% o más a lo largo de la secuencia más corta en el alineamiento. El polipéptido de referencia y cualquiera de los polipéptidos identificados mencionados anteriormente se diseñaron como una agrupación.

30 Se usó el programa BLASTP versión 2.0 de la Washington University en Saint Louis, Missouri, EEUU, para determinar la identidad de secuencia y el valor E BLAST. El programa BLASTP versión 2.0 incluye los parámetros siguientes: 1) un punto de corte de valor E de 1,0e-5; 2) un tamaño de palabra de 5; y 3) la opción -postsw. La identidad de secuencia BLAST se calculó tomando como base el alineamiento del primer HSP BLAST (Parejas de Segmentos con Alta Puntuación) de la secuencia homóloga funcional potencial identificada con un polipéptido de referencia específico. El número de residuos con concordancia idéntica en el alineamiento HSP BLAST se dividió por la longitud de HSP, y se multiplicó por 100 para obtener la identidad de secuencia BLAST. La longitud de HSP 35 incluyó típicamente huecos en el alineamiento, pero en algunos casos los huecos se excluyeron.

El proceso BLAST Recíproco principal consiste en dos rondas de búsquedas BLAST; búsqueda directa y búsqueda inversa. En la etapa de búsqueda directa, una secuencia polipeptídica de referencia, "polipéptido A", de la especie

fuente SA se sometió a BLAST frente a todas las secuencias de proteína de una especie de interés. Se determinaron los mejores aciertos usando un punto de corte del valor E de 10^{-5} y un punto de corte de identidad de secuencia de 35%. Entre los mejores aciertos, la secuencia que tiene el valor E más bajo se designó como el mejor acierto, y se consideró un homólogo funcional u ortólogo potencial. Cualquier otro mejor acierto que tenía una identidad de secuencia de 80% o más respecto al mejor acierto o al polipéptido de referencia original también se consideró un homólogo funcional u ortólogo potencial. Este proceso se repitió para todas las especies de interés.

En la ronda de búsqueda inversa, los mejores aciertos identificados en la búsqueda directa de todas las especies se sometieron a BLAST frente a todas las secuencias de proteína de la especie fuente SA. Un mejor acierto de la búsqueda directa que devolvió un polipéptido de la agrupación mencionada anteriormente como su mejor acierto también se consideró como un homólogo funcional potencial.

Los homólogos funcionales se identificaron por inspección manual de las secuencias homólogas funcionales potenciales. Los homólogos funcionales representativos para SEQ ID NO: 442, SEQ ID NO: 489, SEQ ID NO: 568, SEQ ID NO: 590, SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 711, SEQ ID NO: 742, SEQ ID NO: 1012, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 364, SEQ ID NO: 311, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 2, y SEQ ID NO: 749 se muestran en las Figuras 1-15, respectivamente.

Ejemplo 22 - Determinación de homólogos funcionales por modelos ocultos de Markov

Se generaron Modelos Ocultos de Markov (HMM) por el programa HMMER 2.3.2. Para generar cada HMM, se usaron los parámetros por defecto del programa HMMER 2.3.2, configurado para alineamientos globales.

Se generó un HMM usando las secuencias mostradas en la Figura 1 como aporte. Estas secuencias se ajustaron al modelo y una puntuación bit de HMM representativa para cada secuencia se muestra en el Listado de Secuencias. Se ajustaron secuencias adicionales al modelo, y las puntuaciones bit HMM representativas para cualquiera de dichas secuencias adicionales se muestran en el Listado de Secuencias. Los resultados indican que estas secuencias adicionales son homólogos funcionales de SEQ ID NO: 442.

El procedimiento anterior se repitió y se generó un HMM para cada grupo de secuencias mostrado en las Figuras 2-15 usando las secuencias mostradas en cada Figura como aporte para ese HMM. Una puntuación bit representativa para cada secuencia se muestra en el Listado de Secuencias. Se ajustaron secuencias adicionales a determinados HMM, y las puntuaciones bit HMM representativas para dichas secuencias adicionales se muestran en el Listado de Secuencias. Los resultados indican que estas secuencias adicionales son homólogos funcionales de las secuencias usadas para generar ese HMM.

30 **Otras realizaciones**

Debe entenderse que aunque la invención se ha descrito conjuntamente con la descripción detallada de ésta, se pretende que la descripción anterior ilustre y no limite el alcance de la invención, que se define por el alcance de las reivindicaciones adjuntas. Otros aspectos, ventajas, y modificaciones están dentro del alcance de las reivindicaciones siguientes.

35

REIVINDICACIONES

- 5 1. Un método para producir una planta, comprendiendo dicho método crecer una célula de planta que comprende un ácido nucleico exógeno, comprendiendo dicho ácido nucleico exógeno una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene un 80 por ciento o más de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 749; y
- en el que una planta producida a partir de dicha célula de planta tiene una diferencia en la tolerancia a la sequía o tolerancia al calor comparada con una planta control que no comprende dicho ácido nucleico.
- 10 2. El método de la reivindicación 1, en el que el polipéptido comprende un dominio de dedo de cinc semejante a AN1 que tiene 80 por ciento o más de identidad de secuencia con el dominio de dedo de cinc semejante a AN1 de SEQ ID NO: 749, y un dominio de dedo de cinc semejante a A20 que tiene 80 por ciento o más de identidad de secuencia con el dominio de dedo de cinc semejante a A20 de SEQ ID NO: 749.
- 15 3. Un método para modular la tolerancia a la sequía en una planta, comprendiendo dicho método introducir en una célula de planta un ácido nucleico exógeno, comprendiendo dicho ácido nucleico exógeno una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene un 80 por ciento o más de identidad de secuencia con una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 749; y
- en el que una planta producida a partir de dicha célula de planta tiene una diferencia en la tolerancia a la sequía comparada con una planta control que no comprende dicho ácido nucleico.
- 20 4. Una célula de planta que comprende un ácido nucleico exógeno, comprendiendo dicho ácido nucleico exógeno una región reguladora unida de manera operativa a una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene un 80 por ciento o más de identidad de secuencia con una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 749; y
- en el que una planta producida a partir de dicha célula de planta tiene una diferencia en la tolerancia al calor o tolerancia a la sequía comparada con una planta control que no comprende dicho ácido nucleico.
- 25 5. Una planta transgénica que comprende la célula de planta de la reivindicación 4.
- 30 6. La planta transgénica de la reivindicación 5, en la que dicha planta es un miembro de una especie seleccionada del grupo que consiste en *Panicum virgatum* (pasto varilla), *Sorghum bicolor* (sorgo, zahína), *Miscanthus giganteus* (miscanto), *Saccharum* sp. (caña de azúcar), *Populus balsamifera* (álamo), *Zea mays* (maíz), *Glycine max* (soja), *Brassica napus* (canola), *Triticum aestivum* (trigo), *Gossypium hirsutum* (algodón), *Oryza sativa* (arroz), *Helianthus annuus* (girasol), *Medicago sativa* (alfalfa), *Beta vulgaris* (remolacha), y *Pennisetum glaucum* (mijo perla).

SEQ-ID:NO:459	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	ARJLDHKYDQ	LQQTSS--DD	46
SEQ-ID:NO:451	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	SLILEHKYEQ	LQQTSS--DD	46
SEQ-ID:NO:447	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	ALILEHKYEQ	LQQTSS--DD	46
SEQ-ID:NO:442	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	SLILEHKFEQ	LQQTSS--ED	46
SEQ-ID:NO:443	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	SLILEHKYEQ	LQQTSS--ED	46
SEQ-ID:NO:445	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	SLILEHKYEQ	LQQTSS--ED	47
SEQ-ID:NO:483	MSGMEEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	AIILEHKWEQ	LQHMS--DG	47
SEQ-ID:NO:470	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	AIILEHKYEQ	LQHMS--DGD	47
SEQ-ID:NO:463	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	AIILEHKFEQ	LQHMS--DSD	48
SEQ-ID:NO:465	MSGEEEE-NA	AELKI GEEFL	KAKCLMNCEV	AIILEHKYEQ	LQHMSSES	49
SEQ-ID:NO:459	PTNQISQVFE	KSMQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VREVLARYKL	AEFELCVLGN	96
SEQ-ID:NO:451	PMNQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VREILARYQL	AEFELCVLGN	96
SEQ-ID:NO:447	PMNQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VREILSRYQL	AEFELCVLGN	96
SEQ-ID:NO:442	PMNQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VREILSRHQL	TEFELCVLGN	96
SEQ-ID:NO:443	PMNQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VREILSRHQL	TEFELCVLGN	96
SEQ-ID:NO:445	PMNQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VREILSRHQL	TEFELCVLGN	97
SEQ-ID:NO:483	GADQVSQVFE	KSQAYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VRETLSRYSL	VEFELCTLGN	97
SEQ-ID:NO:470	PSSQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VRETLSRYGL	AEFELCTLGN	97
SEQ-ID:NO:463	PSSQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VRETLSRYGL	AEFELCTLGN	98
SEQ-ID:NO:465	PSSQVSQVFE	KSLQYVKRFS	RYKNPDVAVRQ	VRETLSRYGL	AEFELCTLGN	99
SEQ-ID:NO:459	LCPETVEEAI	AMVPSIKSKG	RM---LEDDA	EKMLHDL SL	KKFE	138
SEQ-ID:NO:451	LCPETVEEAI	AMVPSIKSRG	RA---QDDA	EKMLNDL SL	KKFE	138
SEQ-ID:NO:447	LCPETVEEAI	AMVPSIKTKG	RA---HDDA	ERMLNDL SL	KKFE	138
SEQ-ID:NO:442	LCPETVEEAV	AMVPSLTKG	RA---HDEA	EKMLNDL SL	VKRFE	138
SEQ-ID:NO:443	LCPETAEEAV	AMVPSLTKG	RA---HDEA	EKMLNDL SL	VKRFE	138
SEQ-ID:NO:445	LCPETAEEAV	AMVPSLTKG	RA---HDEA	EKMLNDL SL	VKRFE	139
SEQ-ID:NO:483	LCPDTADEAK	ALVPSLVPGG	RF---DSDR	DKMLNDL SL	KKFE	139
SEQ-ID:NO:470	LCPDTSDEAS	ALVPSLRSGG	RFVGDGPGSEK	DKMLNDL SL	KKFE	142
SEQ-ID:NO:463	LCPDTSGEAT	ALVPSLKSOG	RFVGDGQDEK	EKMLNDL SL	KKFE	143
SEQ-ID:NO:465	LCPDTSGEAT	ALVPSLKSOG	RFVGDGPGDEK	EKMLNDL SL	KKFE	144

Figura 1

SEQ-ID:NO:514	MDAAVRKAAG	AG	AR	AP	AL	VA	AG	FL	IS	YN	FF	ML	FG	GG	---	GL	46												
SEQ-ID:NO:515	-----MSGR	KN	AG	KA	SP	FL	LI	SV	GC	FF	AT	YN	FL	TM	VG	HR	SR	DA	GPR	44									
SEQ-ID:NO:518	-----MSGR	KN	AG	RT	SP	WL	LI	SA	GC	FF	AT	YN	FL	TM	VG	HR	GR	D	-GPR	41									
SEQ-ID:NO:489	-----	---	MG	KA	SG	LL	FL	LG	GF	FF	VI	YN	LL	TL	TV	HN	RS	---	---	GV	34								
SEQ-ID:NO:498	-----	---	MG	RA	SL	LV	LI	LI	TI	GF	FF	AT	YN	LV	MI	MY	RS	---	---	---	38								
SEQ-ID:NO:494	-----	---	MG	RA	SS	LL	LI	FL	VL	GS	FF	AT	YN	VV	MI	HY	GS	SE	---	---	36								
SEQ-ID:NO:496	-----MI SR	KN	MG	SA	SP	LL	LI	FL	VL	GS	FF	AT	YN	LV	MT	HN	RS	---	---	---	44								
SEQ-ID:NO:514	GA	AT	AG	T	RD	PV	VA	MP	AW	MR	AA	AD	TE	AR	RR	PF	HV	AL	T	T	AT	96							
SEQ-ID:NO:515	KI	LG	VG	GG	VG	G	---	---	---	---	GG	SD	P	---	SK	RF	HV	AL	T	T	T	82							
SEQ-ID:NO:518	KL	LD	GG	SY	G	S	---	---	---	---	SG	SD	P	---	AK	RF	HV	AL	T	T	T	80							
SEQ-ID:NO:489	SN	SD	GS	PL	LD	PV	VQ	MP	LN	IR	KA	KS	---	---	PA	PF	HV	AL	T	T	T	81							
SEQ-ID:NO:498	DD	SD	GI	FL	LD	PV	TE	MP	ED	VK	KA	KA	---	---	KN	PF	HV	AL	T	T	T	85							
SEQ-ID:NO:494	AV	ND	GA	LF	FD	PI	TE	MP	DH	VK	NR	KS	---	---	KN	PF	HV	AL	T	T	T	83							
SEQ-ID:NO:496	YN	SD	GI	F	VD	PI	TE	MP	E	SVR	KL	KR	---	---	KN	PF	HV	AL	T	T	T	91							
SEQ-ID:NO:514	MY	F	W	Y	K	R	M	Q	A	R	P	G	G	E	A	M	G	G	F	GL	M	D	E	I	P	T	F	V	146
SEQ-ID:NO:515	MY	Y	W	Y	R	E	M	R	D	R	P	G	S	D	---	M	G	G	F	GL	M	D	E	I	P	T	L	V	131
SEQ-ID:NO:518	MH	Y	W	Y	K	E	M	R	D	R	P	G	S	D	---	M	G	G	F	GL	M	D	E	I	P	T	M	V	129
SEQ-ID:NO:489	MY	W	Y	K	K	K	A	L	P	G	S	D	---	---	M	G	G	F	NL	M	D	E	I	P	T	F	V	130	
SEQ-ID:NO:498	MY	W	Y	K	K	K	D	L	P	G	S	E	---	---	M	G	G	F	NL	M	D	E	I	P	T	L	V	134	
SEQ-ID:NO:494	MY	W	Y	K	Q	Q	K	L	P	G	S	E	---	---	M	G	G	F	NL	M	D	E	I	P	T	L	V	132	
SEQ-ID:NO:496	MY	W	Y	K	Q	K	D	L	P	G	S	E	---	---	M	G	G	F	NL	M	N	E	I	P	T	L	V	140	
SEQ-ID:NO:514	GY	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	Q	K	A	K	I	LA	H	D	D	PA	AF	196					
SEQ-ID:NO:515	GY	I	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	K	K	S	NI	LA	H	G	D	E	PA	AF	181				
SEQ-ID:NO:518	GY	I	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	Q	R	A	K	I	LA	H	G	D	E	PA	AF	179			
SEQ-ID:NO:489	GY	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	N	R	P	WA	F	D	H	V	F	N	P	L	PN	180			
SEQ-ID:NO:498	GY	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	E	R	A	T	I	LA	M	G	G	F	PA	AF	184				
SEQ-ID:NO:494	GY	I	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	E	K	A	S	I	LA	R	G	G	L	PA	AF	182			
SEQ-ID:NO:496	GY	I	V	L	N	R	P	WA	F	V	Q	W	L	E	K	T	I	LA	H	G	G	Y	PA	AF	190				

Figura 2

SEQ-ID:NO:514	PFYI TPSEH	EKI IRKYIAK	ERGPVT DI DP	GNSPVI I KK	TLEKI APTW	246
SEQ-ID:NO:515	PFYI KPTEN	EDI LRKFFPE	ENGPVSK I DP	GNSPVI I KK	AQLEKI APTW	231
SEQ-ID:NO:518	PFYI NPTVN	EKI LRKFFPE	EKGPVSK I DP	GNSPVI I KK	AQLEKI APTW	229
SEQ-ID:NO:489	PFYI TPEKY	ENI VRKYYP A	EMGPVTNI DP	GNSPVI I SK	ESLEKI APTW	230
SEQ-ID:NO:498	PFYI KPADH	ESI IRKYYPE	EKGPVT NVDP	GNSPVI I KK	ELLEKI APTW	234
SEQ-ID:NO:494	PFYI RPDEN	EKI IRKYYPE	ELGPVT NVDP	GNSPVI I RK	DLIAKI APTW	232
SEQ-ID:NO:496	PFYI KPQQN	EKLLRKFPE	EMGPVTNI DP	GNSPVI I KK	ELLEKI APTW	240
SEQ-ID:NO:514	MNVS IQMKED	EETDKVFGWW	LEMYAYAVAS	ALHGVHHI LR	KDFMI QPPFD	296
SEQ-ID:NO:515	MNI SLKMKED	VETDKAFGW	LEMYAYAVAS	ALHGVHYS LR	KDFMI QPPWD	281
SEQ-ID:NO:518	MNVS LKMKED	QDIDKAFGW	LEMYAYAVAS	ALHGVHHS LR	KDFMI QPPWD	279
SEQ-ID:NO:489	MNVS LTKMND	PETDKAFGW	LEMYGAYAS	AI HGV RHI LR	KDFML QPPWD	280
SEQ-ID:NO:498	MNI SLKMKRD	QETDKAFGW	LEMYAYAVAS	ALHDVQHI LR	KDFMV QPPWD	284
SEQ-ID:NO:494	MNI SLKMKED	PETDKAFGW	LEMYAYAVAS	ALHGV RHI LR	KDFML QPPWD	282
SEQ-ID:NO:496	MNVS LKMKDD	PETDKTFGW	LEMYAYAVAS	ALHGVQHV LQ	KDFML QPPWD	290
SEQ-ID:NO:514	TKLQNTFI IH	FTYGC DYSLK	GELTYGKVGE	WRFDKRSF PD	RPPPRNL TLP	346
SEQ-ID:NO:515	AKSDNTFI IH	YTYGCDYTLK	GELTYGKI GE	WRFDKRSYL R	SPPPRNL TLP	331
SEQ-ID:NO:518	LKT DNTFI IH	YTYGCDYTLNE	GOLTYGKI GE	WRFDKRSYLE	SPPPRNL SLP	329
SEQ-ID:NO:489	LSTKGF I IH	YTYGCDYNMK	GELTYGKI GE	WRFDKRSHL R	GPPPRNMSLP	330
SEQ-ID:NO:498	LATGKNFI IH	YTYGCDYNL K	GELTYGKI GE	WRFDKRSYL G	GPPPRNL ALP	334
SEQ-ID:NO:494	LETNKKYI IH	YTYGCDYNMK	GELTYGKVGE	WRFDKRSHL R	GPPPKNL PLP	332
SEQ-ID:NO:496	LEV GKKYI IH	YTYGCDYNMK	GELTYGKI GE	WRFDKRSFL R	GPPPRNL PLP	340
SEQ-ID:NO:514	PPGVPE SVVT	LVKMVNEASA	NLPRWDDGI			375
SEQ-ID:NO:515	PPGVPE SVAT	LVKMVNEATA	NI PGWDEER			360
SEQ-ID:NO:518	PPGVPE SVVT	LVKMVNEATA	NI PGWEDER			358
SEQ-ID:NO:489	PPGVPE SVVT	LVKMVNEATA	TJ PNWDL -			358
SEQ-ID:NO:498	PRGVPE SVVT	LVKMVNEATA	NI PNWDTE -			362
SEQ-ID:NO:494	PPGVPE SVVT	LVKMVNEASA	NI PNWDTS -			360
SEQ-ID:NO:496	PPGVPE SVVT	LVKMVNEATA	NI PNWDAE -			368

Figura 2 (continuación)

SEQ-ID-NO:584	MRK	VLV	AVLI	VSMVAS	HF	ENVA	---	---	---	22
SEQ-ID-NO:568	MMK	KQVT	VA	ALLI	MMALCS	SLNMVA	EAQL	GP	DCYD	50
SEQ-ID-NO:578	MKK	--MVVA	MMLI	FLI	ST	QME	SVF	---	---	23
SEQ-ID-NO:584	---	---	---	---	---	---	---	---	---	26
SEQ-ID-NO:568	TSRCDRKCSI	---	SDAS	RCGP	DAARAS	SGV	SEQI	DN	---	100
SEQ-ID-NO:578	---	---	PDA	---	---	---	---	---	---	27
SEQ-ID-NO:584	---	---	---	---	---	---	---	---	---	62
SEQ-ID-NO:568	SNLDMVAEQ	---	DCMD	AC	FTG	CVQ	SNT	R	RC	150
SEQ-ID-NO:578	---	---	LGPG	DCYDGC	STACVQ	RDSR	---	---	---	63
SEQ-ID-NO:584	---	---	---	---	---	---	---	---	---	62
SEQ-ID-NO:568	---	---	---	---	---	---	---	---	---	150
SEQ-ID-NO:578	---	---	---	---	---	---	---	---	---	63
SEQ-ID-NO:584	DHFG	---	---	---	---	---	---	---	---	66
SEQ-ID-NO:568	GETGA	---	---	---	---	---	---	---	---	155
SEQ-ID-NO:578	EDMG	---	---	---	---	---	---	---	---	67

Figura 3

SEQ-ID-NO:682	MSSSVQ---	---	---QTAFPEQEA	DAE--GETNP	ELYQH[FAN]LV	34
SEQ-ID-NO:674	---	---	MAEGROLEA	QSMV---VVPT	ATGDKGDI L	26
SEQ-ID-NO:634	---	---	---MVSKS	HIDV---Y	SWDDEFKLV	20
SEQ-ID-NO:590	MATSSMKSI P	MAI PSFSMCH	KLELLKEGKIT	RDVPAKAEDE	GLSCEFQEML	50
SEQ-ID-NO:623	MPASTITSMV	---	LNHFTKNQA	NDN--GEDLE	RLTNECKELL	37
SEQ-ID-NO:632	MASTDLT N--	---	MKEDQSRDGC	QET--TSKVN	KVSHDYNNLI	35
SEQ-ID-NO:627	MAPTNVT CF--	---	REENESEKGG	EEI--TIEED	KLSEQECKELI	36
SEQ-ID-NO:682	SSLPSSKGLS	NNKFRRHDOG	MHCSSVVGIVG	AMVADACFSA	RPSDVI VATL	84
SEQ-ID-NO:674	SSLPTREGMW	TTFVLY-DG	CMMDRQAAMS	VSLVRAQFVP	RDDDVLLATY	74
SEQ-ID-NO:634	QSEPKKGMWA	GSNLYFY-QG	FWCPSLVLKA	FJ SFQKHFQA	FNSDII VATF	69
SEQ-ID-NO:590	DSLPKERGMWR	TRYLYLF-QG	FWCQAKEI QA	I MSFQKHFQS	LENDVVLATI	99
SEQ-ID-NO:623	LSLPREKGMWR	TACL YKY-KG	FWCQPKEL QA	I SFQKHFEP	RDT DVI LASI	86
SEQ-ID-NO:632	LSLPRENGCE	TOYMYFF-HG	FWCQPSL I QS	VNSFQNNFHA	KDSDI VVASI	84
SEQ-ID-NO:627	LSLPREKGMWR	TRYLYLF-QG	FWCQPLEI QA	I I TFQKHFQA	KDSDVI VATI	85
SEQ-ID-NO:682	PKSGTTWMKS	L YAI VHRRE	RPVVGAADQ	HPLNSMGPHE	LTKFFEYQLY	134
SEQ-ID-NO:674	PKCGTTLWKA	LSFAI ANRHR	HPV--VSAGH	HPLLTQSPHD	LVPFLELPFR	122
SEQ-ID-NO:634	PKCGTTLWKA	L TFSILYRNO	FPW----DE	NPLLTFGPHQ	LVRFFEYDLY	114
SEQ-ID-NO:590	PKSGTTLWKA	L TFI LNRHR	FDPV--ASSTN	HPLFTSNPHD	LVPFYEYKLY	148
SEQ-ID-NO:623	PKSGTTLWKA	LSFAI LNRKK	FA---ISSND	HPLLVSNPHD	LAPFFEYKLY	133
SEQ-ID-NO:632	PKSGTTLWKG	LAYAI VNRQH	FT---SLENN	HPLLLFNPHD	LVPOFEVNLV	131
SEQ-ID-NO:627	PKSGTTLWKA	L TFAI VNRHT	HSI T--TSMSS	HPLLTSNPHE	LVPFLEYTVY	134
SEQ-ID-NO:682	TRDR--VP--	--DLDRLP--	DPRLFATHVP	FVSLPSSVVA	TPGCKI VYVC	176
SEQ-ID-NO:674	HI HP--LA--	--AA DAI P--	SPRLGT HMP	HHL L PPR--	--GCRI VYLC	161
SEQ-ID-NO:634	LNNP--FP--	--DLRNV CAY	QPRLFSTHAP	YATLPTIS--K	DSGCKI VYI C	157
SEQ-ID-NO:590	ANGD--VP--	--DLSGLA--	SPRPFATHLP	FGSLKET--E	KPGVKVYLC	189
SEQ-ID-NO:623	ADKQ--VP--	--DLSKLP--	DPRLFATHI P	FASLQDS--K	KSNCRI I YI C	174
SEQ-ID-NO:632	GDKD--GPLP	QI DVSNMT--	EPRLFATHMP	FPSLPKS--VK	ESNCKI I YI C	176
SEQ-ID-NO:627	GNAPSHVP--	--NLSNMT--	EPRLFCTHI P	FHALAKS--K	ESNSRI I YI C	177

Figura 4

SEQ-ID:NO:682	RDPKIDHLVSL	WDFVNKYFRV	KDGLLEPLSVE	AAAELEFCAGL	T P F G P Y W D H V	226
SEQ-ID:NO:674	REP K D V J S T	W H F M N K W L	--EGFSI DFD	K A F E L F V D G C	S P F G P W N H Y	207
SEQ-ID:NO:634	RNPMDMFI SL	W L F S A K L R	DKNQESLSLD	E A F D K F Y H G I	S A H G P F F D H V	205
SEQ-ID:NO:590	RNPFDTFIS S	W H Y T N N I K	SESVSPVLLD	Q A F D L Y C R G V	I G F G P F W E H M	237
SEQ-ID:NO:623	RNPFDTFIS S	W T F S N K L R	SETVPPLLE	E T F K M Y C E G V	V G F G P F W D H M	222
SEQ-ID:NO:632	RNPFDTFVSY	W I F I N K I R L	RKSLTELITLE	E S F E R Y C K G I	C L F G P F W D N M	225
SEQ-ID:NO:627	RNPLDTFVST	W I F L N K I K	PEHLPEFELG	E A F E K Y C K G I	I G F G P F W D Q M	225
SEQ-ID:NO:682	LGYWRAHRAD	PDKVLFERYE	EMQRDPAAHV	RRLAEFVGLP	F S S E E E D G G V	276
SEQ-ID:NO:674	LGYWNKHVEE	PDRVFLKYD	DMADPAGHV	K K L A E F L R V P	F T D D E V D A G V	257
SEQ-ID:NO:634	LGYWKAQEN	P N K I L F L N F E	DLKEDMDSHL	K L A M F L G V P	F T D D E E K Q G V	255
SEQ-ID:NO:590	LGYWRESLKR	PEKVFFLRYE	DLKDDIETNL	K R L A T F L E L P	F T E E E E R K G V	287
SEQ-ID:NO:623	LGYWKESLER	QDKVFLKYE	DMKADVITFYL	K K I A K F L G C P	F S M E E E K E G V	272
SEQ-ID:NO:632	LGYLKESIER	PDRVFLKYE	DLKEDVNFHIT	K R I A E F V G I P	F T Q E E E N N G V	275
SEQ-ID:NO:627	LGYWKESIAR	P S K V L F L K Y E	DLK KD V N F H V	K R I A E F L G C P	F T S E E E G D G T	275
SEQ-ID:NO:682	VDAVVGLCSF	ERM R G M A P T K	G-----GRT	E F P I G V V P N S	S F F R Q G V V G D	320
SEQ-ID:NO:674	VEEVRLCSF	E K L S R L P V N S	S V V A G R V G V D	---E R P M K N S	V F F R K G K V R D	304
SEQ-ID:NO:634	VEKAKI CSF	E N L K E L E V N M	K-----DVH	---T S G V P H T	H F F R K G E V G D	296
SEQ-ID:NO:590	VKAI AELCSF	E N L K K L E V N K	S-----NKS	---I K N F E N R	F L F R K G E V S D	328
SEQ-ID:NO:623	VEKASLCSF	E K M K N L E V N K	S-----GRS	---I T N F E N K	H L F R K A E V G D	313
SEQ-ID:NO:632	VENI KLCSF	E S M K E I E G N Q	S-----GTI	---S G D I E K E	F Y F R K G E I G D	316
SEQ-ID:NO:627	IESI KLCSF	E K M K E L E A N K	S-----GTF	---A R N F E R K	Y L F R K A E M G D	316
SEQ-ID:NO:682	WVNHLSPEMA	RRI D A I T A D K	F R G S S I V V	---	---	348
SEQ-ID:NO:674	MKNYLTEEMA	K K L D A A I E E K	L K G S G L T L	---	---	332
SEQ-ID:NO:634	WSNYLTPFMI	E C L E K L I Q E K	L N G S G L T F K L	L S E T A N N I A S	P	337
SEQ-ID:NO:590	WVNYSPLSQM	E R L S A L V D D K	L G S G L T F R L	S	---	359
SEQ-ID:NO:623	WVNYSPLSQM	K Q L S Q L I E E K	L G S G I E F K V	F P Y T S T T P S T	S P R L F A A H I P	363
SEQ-ID:NO:632	WVNYSPLSQM	E K L S K V M E E K	L N G S G L S F K V	C A	---	348
SEQ-ID:NO:627	WVNYSPLSQM	E K L S Q I M E E K	L S G S G L S F	---	---	344

Figura 4 (continuación)

SEQ-ID-NO:707	MASNKVSFFL	VLCLCLLAG	ECL	ES	P	FTG	NKCS	DPI	GMD	KDG	KCL	DI	YCH	50
SEQ-ID-NO:705	MASNKVSFFL	VLCLCVLSTA	EF	EA	QI	LTG	I	KCP	DPNG	KED	KCN	Y	YCL	50
SEQ-ID-NO:706	MASNKVSFF	ILFLCVLSTA	EF	EA	QNP	PRG	RK	CE	DPNG	QKA	KCY	Y	YCN	50
SEQ-ID-NO:707	AQGY	PPG	SC											74
SEQ-ID-NO:705	NO	NY	MG	SC										73
SEQ-ID-NO:706	EQ	FL	GG	SC										73

Figura 5

SEQ-ID-NO:734	MPPSYTPTAR	LRLLVLF	LAS	LSL	LFAQTLA	SSS	---AAAS	AEAEVSD	44
SEQ-ID-NO:737	---MPPARF	VHLI LLATLS	---	LLL	---AQTLA	SSS	PAPASAA	TAGEPGD	41
SEQ-ID-NO:711	---MSTISPSLA	VIAFLFLILL	---	NLS	---SVFAD	PST	---EGGE	I R L P S E K I N	44
SEQ-ID-NO:714	---MSTISPSLA	VLSLILLSS	---	LVS	---	XET	---NKGK	E I R L P S E	37
SEQ-ID-NO:719	---MSKFSAT	TCVIFLSS	---	LCF	---PIALS	ETG	---AGIL	LQEMTRE	40
SEQ-ID-NO:715	---MPCFTATPF	YLLTFLFF	---	YFS	---POIAQ	SSP	---DNSR	SJRLPSDGFT	44
SEQ-ID-NO:725	---MPKSSR	FLVVAJAVAA	---	LCV	LPVAAA	ADL	---EDPG	VLRLPSD	40
SEQ-ID-NO:733	---MAGITKISH	FSMVLIAMVA	---	LCV	---FPAAT	SDN	---VASA	VLGLPSH	41
SEQ-ID-NO:734	---PCAAPVSD	GGSEAQLCPV	---	RCFR	DPVCG	ADGVTYWCGC	---	PEAACAGARV	92
SEQ-ID-NO:737	---PCAAAVAD	GDGVPLCPV	---	RCFR	DPVCG	ADGVTYWCGC	---	PEAACAGARV	89
SEQ-ID-NO:711	GEKNRGEFCE	GIAKPASCPV	---	QCFR	DPVCG	EDSVTYWCGC	---	ADALCHGVRV	94
SEQ-ID-NO:714	---KTNGEFCG	KTSKPASCPV	---	KCFR	ADPVCG	EDSVTYWCGC	---	ADALCHGVRV	85
SEQ-ID-NO:719	---DGKGDACA	GLKAPASCPV	---	NCFR	ADPVCG	VDGVTYWCGC	---	ADALCSGT RV	88
SEQ-ID-NO:715	IADNNEGVC	RFTKPASCPV	---	TCFR	TEPVCG	VDGVTYWCGC	---	ADALYCAGT RV	94
SEQ-ID-NO:725	---SICG	KTPSSCPA	---	KCFR	ADPVCG	ADGVTYWCGC	---	AEAACAGVEV	94
SEQ-ID-NO:733	VAGEGNLCS	AAPSSCPV	---	KCFR	DPVCS	VDGVTYWCGC	---	SEAAVYSAQI	83
SEQ-ID-NO:734	ARRGYCEVGA	GSAVPSGQA	---	LLVHI	VWLF	VLGA	AVLLGF	L	132
SEQ-ID-NO:737	ARRGYCEVGA	GSAVPSGQA	---	LLVHI	VWLF	VLGA	AVLLGF	L	129
SEQ-ID-NO:711	VKQGACDVGN	GVGLSVPGQA	---	LLI	HI VWM	LLGFSI	LFGL	F	135
SEQ-ID-NO:714	SKPGACDVGN	GVGLSVPGQA	---	LLI	HI VMM	ALGFSI	LFGX	X	126
SEQ-ID-NO:719	DKLGACEVGS	GGSSSLPGQA	---	LLI	HI VWL	LLGFSI	LFGX	F	129
SEQ-ID-NO:715	AKSGFCEVGN	GGSAVSPGQA	---	LLVHI	VWLI	LLGF	VLGL	F	135
SEQ-ID-NO:725	AKLGFCEVGN	GGSAVPGQA	---	LLVHI	VWLI	VLGFSV	LFGL	F	124
SEQ-ID-NO:733	AKLGFCEVGN	GGSVTLGQA	---	LLVHI	VWLI	VLGFSV	FFGL	F	131

Figura 6

SEQ_ID_NO:999	MAQREQERITQ	EARBK	RAPE	NH	AVRQQLAD	FPGNPATQKP	LPE	LLG	47
SEQ_ID_NO:759	MAQRDKKEET	E	MKVSE	SL	LCI NNCG	ESGNPATKNM	Q	SCYK	41
SEQ_ID_NO:1215	MAKAKNDIT	D	FKVPE	PI	TPCATA	AAAT	S		31
SEQ_ID_NO:799	MEEQAAAG	G	GGGG	GAS	MANGCG	FFGS	EATKKL	CSKCYRDQLK	46
SEQ_ID_NO:1010	MAERQEVSG	F	GM	AA	MCANACG	FFGS	AATKNL	CSKCYKE	38
SEQ_ID_NO:857	MSFGNNSIS	F	PPI	E	PKLGNCG	FFGS	PSMNL	CSKCYRS	41
SEQ_ID_NO:796	MAEEHRCQA	F	P	QL	CANCG	FFGS	PTQNL	CSECYRG	35
SEQ_ID_NO:801	MAEEHRCQE	F	P	RL	CVNNCG	FFGS	PATQNL	CSKCYGD	36
SEQ_ID_NO:892	MAEEHRCQA	F	P	RL	CANCG	FFGS	PAQDL	CSKCYRD	36
SEQ_ID_NO:859	MAEEHRCQA	F	P	GH	RLCSNCG	FFGS	PATMNL	CSKCYRD	38
SEQ_ID_NO:763	MAEEHRCAT	F	P	GH	RLCVNNCG	FFGS	ATMNL	CSKCYRD	38
SEQ_ID_NO:742	MAEEHRCQT	F	P	GH	RLCVNNCG	FFGS	ATMNL	CSKCYRD	38
SEQ_ID_NO:912	MAEELHRCQT	F	P	GH	RLCVNNCG	FFGS	ATMNL	CSKCYRD	38
SEQ_ID_NO:955	MAQESWKQES	F	HAPE	API	LCI NNCG	FFGS	SATMNL	CSNCGD	46
SEQ_ID_NO:1000	MAQESWKQES	H	PE	API	LCI NNCG	FFGS	SATMNL	CSKCYRD	41
SEQ_ID_NO:1306	MDHDKTGCQS	P	PE	GP	KLCI NNCG	FFGS	SAATMNM	CSKCHKT	40
SEQ_ID_NO:798	MEQNETGCQV	P	PD	AP	MLCVNNCG	FFGS	AAATMNP	CSKCHKD	40
SEQ_ID_NO:953	MEHEETGCQP	H	PE	GP	ILCVNNCG	FFGS	VATMNM	CSKCHKD	40
SEQ_ID_NO:988	MEHKETGCQQ	H	PK	GP	ILCVNNCG	FFGS	AAATMNM	CSKCHKE	39
SEQ_ID_NO:991	MEHKETGCQQ	H	PE	GP	ILCVNNCG	FFGS	AAATMNM	CSKCHKE	39
SEQ_ID_NO:999	GHGRIT	ST	GLM	SS	SLSP	VL	DKSRQA		72
SEQ_ID_NO:759	STGLM	TOP	ALTFSGK	SS	SLSP	VL	DKSRQA		67
SEQ_ID_NO:1215	ISEPSR	FF	DAAL	SS	SLSP	VL	DKSRQA		42
SEQ_ID_NO:799	LVANEEEEEA	ST	AAAAA	ST	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	96
SEQ_ID_NO:1010	HLIKTAKQE	ASA	AVVGGGA	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	77
SEQ_ID_NO:857	LRAEEDQT	AV	AKAAVEKS	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	74
SEQ_ID_NO:796	LQKEQQS	SS	AKAFNHT	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	61
SEQ_ID_NO:801	LRQOPLN	SS	AKAFNHT	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	60
SEQ_ID_NO:892	LQMKQRS	SS	AKLVLNQT	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	71
SEQ_ID_NO:859	LRKEEQ	AK	KSTIETA	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	65
SEQ_ID_NO:763	LRKEQEA	SS	KSALSSS	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	62
SEQ_ID_NO:742	LRKQQQQ	AS	MKSTVESS	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	62
SEQ_ID_NO:912	LRKQQQQ	AS	MKSTVESS	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	64
SEQ_ID_NO:955	FI	LM	APVVEKK	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	67
SEQ_ID_NO:1000	FV	EM	DAPVVDKK	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	64
SEQ_ID_NO:1306	ILFQEQG	AK	LASAVSGS	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	68
SEQ_ID_NO:798	LMKQQQT	EL	AASSIGSI	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	69
SEQ_ID_NO:953	MLKKEQA	KL	AASSFGNI	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	69
SEQ_ID_NO:988	MLMKQEQA	KL	AASSIGSI	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	66
SEQ_ID_NO:991	MLMKQEQA	KL	AASSIGSI	SS	AAAAA	QA	CSGGC	FFGSKETNNM	66

Figura 7

SEQ_ID_NO:999	SDRHGCSYDY	KSAARDAIAR	DNPVVRAAKI	VRF	170
SEQ_ID_NO:759	SDRHDCSFDY	KAAGRESAR	QNPVVKA AKI	IRL	170
SEQ_ID_NO:1215	TDRHDCSYDY	KTVGREAIAR	ENPVVKA AKI	VKV	137
SEQ_ID_NO:799	ADKHACTFDF	KKS DREKI AK	ENPLI VAPKI	TKF	224
SEQ_ID_NO:1010	AEKHACDFDF	KAA GREKI AK	NNPLVVA AKI	NKI	193
SEQ_ID_NO:857	PEKHECSFDF	KEVGRGAI AK	ANPVVKADKV	ORI	175
SEQ_ID_NO:796	PGTTCLOF	-----	-----	---	137
SEQ_ID_NO:801	PEQHDCE FDF	KSLGKEQI AK	ANPVVKGEKL	ORI	159
SEQ_ID_NO:892	PEQHGGCFDF	KGMGREEI KK	ANPVVKGEKL	NKI	170
SEQ_ID_NO:859	PEKHACGFDF	KAVGREEI AR	ANPVI KGEKL	RI	164
SEQ_ID_NO:763	PENHGCTFDF	KKVGREEI AR	ANPLVKA EKL	EKI	161
SEQ_ID_NO:742	PEVHGCTFDF	KSAGREEI AK	ANPLVI AAKL	QKI	161
SEQ_ID_NO:912	PEVHGCTFDF	KSAGREEI AK	ANPLVVA AKL	QKI	160
SEQ_ID_NO:955	TDSHQCTFDY	KKVAREQI AK	QNPVVMAEKI	NKI	163
SEQ_ID_NO:1000	TDSHECTFDY	KKVAREQI AK	QNPVVI AEKI	NKI	159
SEQ_ID_NO:1306	ADVHNCSFDY	HVA AQEI AK	ANPVVKADKL	DKI	168
SEQ_ID_NO:798	SDKHDCCPFDY	RSAAQDAI AK	ANPVVKA EKL	DKL	173
SEQ_ID_NO:953	SDKHDCCPYDY	HTAARDVJ AK	ANPVVKADKL	EKI	173
SEQ_ID_NO:988	SDKHDCCQFDY	RTAARDAI AK	ANPVVKA EKL	DKI	171
SEQ_ID_NO:991	SDKHDCCQFDY	RTAARDAI AK	ANPVVKA EKL	DKI	171

Figura 7 (continuación)

SEQ-ID-NO:1068	--MATASSTD	SSLSPRLRLG	KVALVTGGAT	GI GESI	ARLF	CRHGAKVCI A	48
SEQ-ID-NO:1018	-MAAGSSPS	FSSSKRLEG	KVALVTGGAT	GI GEAI	VRLF	MEHGAKVCI A	49
SEQ-ID-NO:1066	-MSAAGSSPS	ASSITKRLEG	KSALVTGGAT	GI GEAI	VRLF	REHGAKVGI A	49
SEQ-ID-NO:1055	MSAAAGSSS	SSITSAPRLEG	KVALVTGGAS	GI GEAI	VRLF	RQHGAKVCI A	50
SEQ-ID-NO:1020	-----MSAAA	ASSPAPRLES	KVALVTGGAS	GI GEAI	VRLF	REHGAKVCI A	45
SEQ-ID-NO:1110	-----MAASSF	ISLITKRLEV	KVALITGGAS	GI GKCI	AKVF	AQHGAKVVI A	47
SEQ-ID-NO:1113	-----MAATSQV	MTSITKRLEG	KVALITGGAS	GI GECT	AKLF	AEHGAKVVI A	40
SEQ-ID-NO:1118	-----MSJQL	LTAIARRLEG	KVALITGGAS	GI GEIT	AKLF	SQHGAKVAI A	47
SEQ-ID-NO:1117	-----MANGSV	LPAIARRLEG	KVAVI TGGAR	GI GEIT	AKLF	FKHGAKVVI A	45
SEQ-ID-NO:1093	-----MATVSA	LSPVVKRLEG	KVAII TGGAS	GI GEAT	ARLF	SQHGAFVVA	46
SEQ-ID-NO:1012	-----MAHVSA	VSAPIRRLEG	KVAII TGGAS	GI GEAT	ARLF	SKHGALVI A	46
SEQ-ID-NO:1094		VSAVVKRLEG	KVAII TGGAS	GI GAAT	ARLF	SEHGAFVVA	46
SEQ-ID-NO:1068	DLQDNLGQNV	CESLGGE-PK	TCYTHCDVTI	EDDVRQAVDF		TMDKFGITDI	97
SEQ-ID-NO:1018	DI QDEAGQQL	RDALGGDAQG	AMFVHCDVTS	EEDVSRAVDA		AAERFGALDV	99
SEQ-ID-NO:1066	DVQDEAGQRL	RDALGD--OD	VMFVHCDVTV	EEDVRAAVDA		AAARFGALDI	97
SEQ-ID-NO:1055	DVQDEAGQQL	RDSLGGD-PD	VL FVHCDVTV	EEDI SRAVDA		TAEKFGITDI	99
SEQ-ID-NO:1020	DI QDEAGQKL	RDSLGGD-QD	VL FVHCDVSV	EEDVARAVDA		TAEKFGITDI	94
SEQ-ID-NO:1110	DI QDDLGHMV	CEJG P--SN	CSYVHCNVTI	EDQI KNAVDA		AVATHGKLDI	95
SEQ-ID-NO:1113	DI QDQLGOAV	CEAI GT--SN	SLYVHCNVTI	EEDI KNAVDT		AVATHGKLDI	88
SEQ-ID-NO:1118	DVQDELGHVSV	VEAI GT--SN	SLYI HCDVTN	EDGVKNAVDN		AVTITYGKLDI	95
SEQ-ID-NO:1117	DI QDHLGOTL	CKDLGQ--SS	SVFVHCDVTN	EKDVEITAVDT		TVSTITYGKLDI	93
SEQ-ID-NO:1093	DI QDDVGLSL	CNEL-- --KS	AIYVHCDVTK	EEDI EKCVDT		AVSKYGKLDI	92
SEQ-ID-NO:1012	DI QDDLGLSL	CKHL-- --ES	ASVYVHCDVTK	EEDVENCVNIT		AVSKYGKLDI	92
SEQ-ID-NO:1094	DI QDDLGLSV	CNEL-- --KS	AVYVHCDVTI	EEDVEKCVNV		TVSKYGKLDI	92
SEQ-ID-NO:1068	MVNNAGLGGP	PCP-DI RKVA	LSDFEKFVFDV	NVKGVFLGGMK		HAARI MI PLN	146
SEQ-ID-NO:1018	MVNNAGVITGT	KVT-DI RTVD	FAEARVLDV	NVHGVLVMK		HAARI MI PRK	148
SEQ-ID-NO:1066	MVNNAGITGN	KVT-DI RNVD	FAEVRKVFDI	NVHGVLGGMK		HAARI MI PKK	146
SEQ-ID-NO:1055	MVNNAGITGD	KVT-DI RNLD	FADVKKVDI	NVHGM LGMK		HAARVMI PSK	148
SEQ-ID-NO:1020	MVNNAGETGO	KIIT-DI RNLD	FSEVRKVDI	NLVGVFHGMK		HAARI MI PKK	143
SEQ-ID-NO:1110	MFNNAGTVDP	NKS-RI MDND	KSDFERL SV	NVITGVFLGIK		HAARVMVPSR	144
SEQ-ID-NO:1113	MFNNAGVMDP	IKA-RI I DNE	KITNFERVLNV	NVITGVFLGCMK		HAARVMVQR	137
SEQ-ID-NO:1118	MFSNAGISDP	NRP-RI I DNE	KADFERVFSM	NVITGVFLGCMK		HAARVMI PAR	144
SEQ-ID-NO:1117	MLNNAGVFEE	SPNFDFL KDD	PLTFORVNV	NLVGAF L GIK		HAARVMKPA G	143
SEQ-ID-NO:1093	MFNNAGTGDE	FRK-SI LDNT	KSDFERVI SV	NLVGPF L GIK		HAARVMI PAR	141
SEQ-ID-NO:1012	MLNNAGTCDE	IKT-SI LDNN	KSDFE SVI SV	NLVGPF L GIK		HAARVMI AAK	141
SEQ-ID-NO:1094	MLNNAGITCHE	LKD-SI VDNJ	TSEFERVI SV	NVNVGPF L GIK		HAARVMI PAK	141

Figura 8

SEQ-ID-NO:1068	KGSI VSLCSV	ASA GGI GPH	AYT GSKHAVL	GLTRVA AEL	GKHGI RVNCV	196
SEQ-ID-NO:1018	RGSI VSLASV	ASA GGI GPH	VYT ASKHAVV	GLTKSVA AEL	GRHGVRVNCV	198
SEQ-ID-NO:1066	RGSI VSLASV	ASVI GGMGPH	AYT GSKHAVV	GLTKSVA GEL	GRHGVRVNCV	196
SEQ-ID-NO:1055	RGSI VSLASV	ASVI GGMGPH	AYT ASKHAVV	GLTKSVA LEL	GRHGI RVNCV	198
SEQ-ID-NO:1020	KGSI I SLGSV	SSVI GGLGPH	SYT ATKHAVV	GLTKNVA GEL	GKHGI RVNCV	193
SEQ-ID-NO:1110	SGSI I STSSV	SSLI GATAH	AYT ASKHAVL	GLTRNVA VEL	QFGI RVNCL	194
SEQ-ID-NO:1113	SGTI I SSSSL	SSHL GGIASH	AYC SSKHAI A	GLTKNL AVEL	QFGI RVNCL	187
SEQ-ID-NO:1118	SGNI I STASL	SSIT MGGSSH	AYC SSKHAVL	GLTRNL AVEL	QFGI RVNCL	194
SEQ-ID-NO:1117	RGSI VTTASI	CSVI GGI GTH	AYT SSKHGL	GLTRNVA AVEL	QFGI RVNCL	193
SEQ-ID-NO:1093	RGSI I NTASV	AGGI GGI GTH	AYT SSKHALV	GLTRNVA AVEL	QFGI RVNCV	191
SEQ-ID-NO:1012	RGSI I NTASV	AGLI GGVATH	AYT SSKHALI	GLTKSVA AVEL	QFGI RVNCV	191
SEQ-ID-NO:1094	RGCI I NTSSI	AGCRI GGS PH	AYVVS KHGLE	GLTKNT AVEL	QFGI RVNCV	191
SEQ-ID-NO:1068	SPYGVATSLA	VAHL PEDERT	EDALI GFRSF	I GRNANLQ	VELTVDDVAN	245
SEQ-ID-NO:1018	SPYAVPTALS	MPHL PQGARA	DDALKDFLAF	VGGEANLK	V DAMPEDVAQ	247
SEQ-ID-NO:1066	SPYAVPTALS	MPHL PQGARA	DDSLKDFLAF	VGGEANLK	V DVMPE DVAE	245
SEQ-ID-NO:1055	SPYAVPTALS	MPHL PQGOK	GDAVRDFLAF	VGSEANLK	V D L L P K D V A E	247
SEQ-ID-NO:1020	SPYAVPTALS	MPYL PQGERK	DDALKDFLAF	VGSEANLK	V D L L P K D V A Q	242
SEQ-ID-NO:1110	SPYALATPLA	TGFL GGNDDEE	-----LEKA	MSKSANLK	VYLKAE DIAN	237
SEQ-ID-NO:1113	SAYGATPLT	KKI TGLEKEA	-----FESA	MNLTANLK	VTLKTDDAY	230
SEQ-ID-NO:1118	SPFGLPTALG	KKFSG KNEE	E-----FENV	INFAGNLK	PKFNVEDVAN	238
SEQ-ID-NO:1117	SPNVPTEMG	RKLFKV KGGG	E-----F	PSFYWSL KING	DI L REEDVGE	235
SEQ-ID-NO:1093	SPFAI VITPLL	NIKYFNL DEEG	-----V	RKTYMNLK	WYPVPNDVAE	231
SEQ-ID-NO:1012	SPYVPTPLT	KKHANI DEEG	-----V	REI YSNLK	VHLVPNDVAE	231
SEQ-ID-NO:1094	SPYLVAITPML	KKYFNL DEEG	-----V	REAYSNLK	SYLVPNDVAE	231
SEQ-ID-NO:1068	AVLFLASDEA	RYI SGNL ML	DGGFT CINH S	LRV ---FR---	---	280
SEQ-ID-NO:1018	AVLYLASDEA	RYVSAVNL MV	DGGFTAVNNN	LRA ---FED---	---	283
SEQ-ID-NO:1066	AVLYLASDEA	RYVSALNL MV	DGGFTAVNHN	LKA ---FED---	---	281
SEQ-ID-NO:1055	AVLYLASDEA	RYI SALNL VV	DGGFTSVNGN	LKA ---FED---	---	283
SEQ-ID-NO:1020	AVLYLASDEA	RYI SALNL MV	DGGFTSVNHN	LRA ---FED---	---	278
SEQ-ID-NO:1110	AALYPASEEG	RYVSGHNL F	DGGFTVNP S	LQM ---FOYP	DGS	277
SEQ-ID-NO:1113	AALFLVSEEA	KYI SQNL I	DGG SYANT S	FNF ---FKYG	EEL	270
SEQ-ID-NO:1118	AALYLASDEA	KYVSGHNL F	DGGFSVCNSV	IKV ---FOYP	DS-	277
SEQ-ID-NO:1117	AVVYLGSDS	KVSGNL I V	DGGFTV NQA	LCS ---FRS---	---	271
SEQ-ID-NO:1117	AALYLASDES	KVSSHNL VI	DGG LINSVNG	FPM ---FEM---	---	267
SEQ-ID-NO:1093	AALYLASDES	KYVSGHNL VI	DGGFTV N G	FSV ---FGQS	E--	269
SEQ-ID-NO:1012	AALYLAGDES	KYVSGHNL VL	DGGFTV N G	FSV ---FGQS	E--	269
SEQ-ID-NO:1094	AALFLAGDES	NYVSGH SLLL	DGGYI TNAG	FSPNAGFSPG	QSE	274

Figura 8 (continuación)

SEQ-ID:NO:933	MEKPNR	---	MSESQNVV	SEA	---	ARS	I	PNN	SS	---	APPGF	33
SEQ-ID:NO:1142	MDLSN	SSP	VI TDPAI SQ	QL	GGLPSNL	M	QFSVMPGG	YS	SS	---	SSGMN	44
SEQ-ID:NO:1146	MDMSIT	SSP	VI TDVSI SP	PLL	GSLTSNM	M	PFSVMSGG	CS	SS	---	SPGMN	44
SEQ-ID:NO:1140	MDMGS	SSP	VI TDPI SI SP	PLL	GGLTSNL	M	PFSVMSGG	CS	SS	---	SSPSM	45
SEQ-ID:NO:1144	MDLKTSHNSP	---	VFDPLPSLA	LPM	---	---	TYT	PTS	FP	---	SSGLY	37
SEQ-ID:NO:926	MDKSNHSSP	---	VTDPPI NK	SRL	CTHSNL	L	SYPO	SGC	SL	---	SPGKY	44
SEQ-ID:NO:1129	MDMKSGHSSP	---	VMTDPI PI SN	SRL	TJRONR	L	PYSS	AAA	TA	---	SQNNLL	47
SEQ-ID:NO:1148	MDLKPN	LNP	VLTDAT PL TR	SRL	GVPSGL	S	PYSP	I GA	TF	---	PHGNM	43
SEQ-ID:NO:1150	MDLKSNHNAP	---	VLTDAPLSK	SRL	RGYHHGL	M	PYSP	SGA	PF	---	SSNLL	46
SEQ-ID:NO:1182	MDLKSN	TSP	VVTDPA PMTQ	SRL	GT HSAL	M	PYSP	T GA	TF	---	SPTLF	43
SEQ-ID:NO:933	IS	SKKK	LLK	NLEI	NDGER	SSPT	HPKSL	---	PSS	---	SSE	79
SEQ-ID:NO:1142	VGSRLK	---	---	---	EEVL	SSP	RRRLNV	AF	GEDNSSE	---	---	84
SEQ-ID:NO:1146	VASRRK	---	---	---	EEVL	SSP	RKKHNL	AF	GPGGSP	---	---	83
SEQ-ID:NO:1140	VASRRK	---	---	---	EEVL	SSP	RKKHNL	AF	GQDNSP	---	---	84
SEQ-ID:NO:1144	LNTPKKKPLP	---	S	---	KI	EEVR	PRKROSK	DF	LPHDVQAD	---	---	84
SEQ-ID:NO:926	KMT	PRKK	P	A	---	KL	DDVR	GF	NI	EV	PAD	88
SEQ-ID:NO:1129	LTV	PRKK	T	G	---	L	DDVK	D	---	NL	SND	88
SEQ-ID:NO:1148	LAI	PRKK	T	G	---	L	DDER	DV	SHG	GSP	---	87
SEQ-ID:NO:1150	LSI	PRRK	T	G	---	V	DDVR	DI	NHEL	SAP	---	90
SEQ-ID:NO:1182	LTI	PRKK	P	G	---	L	DDVR	DS	NAEL	TAN	---	87
SEQ-ID:NO:933	QQ	---	LSSWI	MQHPSAL	EM	FEKI	TEA	SGG	GTL	SPI	VDDP	125
SEQ-ID:NO:1142	EEDPAY	SAWM	---	AKCPSAL	AS	FKQI	VASA	AQG	GTL	SPI	VDDP	133
SEQ-ID:NO:1146	DEDPAY	AWM	---	SKCPSAL	TS	FKQI	VANA	HG	GTL	SPI	VDDP	132
SEQ-ID:NO:1140	DEDPAY	AWL	---	SKCPSAL	AS	FKQI	VANA	AQG	GTL	SPI	VDDP	133
SEQ-ID:NO:1144	DLDLRYRNWM	---	VNYPSAL	GS	FEA	TEL	ARG	---	GTL	SPI	VDNP	133
SEQ-ID:NO:926	DJ	DI	AY	HSWM	---	FEEI	SR	HAKN	GTL	SPI	VDDP	137
SEQ-ID:NO:1129	ATDMTYREWM	---	QLKYP	SAL	IS	FEKI	MS	FAKG	GTL	SPI	VEEP	138
SEQ-ID:NO:1148	DS	---	AY	STWL	---	FDQI	TNC	AKG	GTL	SPI	VDNP	134
SEQ-ID:NO:1150	DPEVAYRTWL	---	LKYP	SAL	AS	FEQI	AN	FAKG	GTL	SPI	VENP	139
SEQ-ID:NO:1182	ESDLAYRTWM	---	LKYP	SAL	SS	FEQI	TNY	AKG	GTL	SPI	VDDP	136

Figura 9

SEQ-ID-NO:933	DRAFMSKMR	RTVKKLAKCF	PTAI VTGRCL	DKVYNFVKLA	ELYAGSHGM	175
SEQ-ID-NO:1142	DKAVMSV MR	AAVRNVAKYF	PTAI VSGRSR	NKVFEFVKLK	ELYAGSHGM	183
SEQ-ID-NO:1146	DKAFMSV MR	AAVRNVAKYF	PTAI VSGRSR	KKVCEEFVKLK	ELYAGSHGM	182
SEQ-ID-NO:1140	DKAFMSV MR	AAVRNVAKYF	PTAI VSGRSR	KKVFEFVKLT	ELYAGSHGM	183
SEQ-ID-NO:1144	ANAVMSDE MR	AAVRHVASLF	PTAI VSGRSR	DKVDFVVKLT	ELYAGSHGM	183
SEQ-ID-NO:926	DRAFMSDAMR	SAVRNVAKYF	PTAI VSGRSR	DKVYELVGLT	ELFYAGSHGM	187
SEQ-ID-NO:1129	DCAYMSSAMR	SAVRNVAKYF	PTAI VSGRSR	DKVYEFVNL S	ELYAGSHGM	188
SEQ-ID-NO:1148	DSAFMSDNMR	AAVKVAEYF	PTAI VSGRSR	DKVYEFVGV S	DLQYAGSHGM	184
SEQ-ID-NO:1150	DNAFMSADM MR	STVKEVAKYF	PTAI VSGRSR	DKVYEFVGLT	ELYAGSHGM	189
SEQ-ID-NO:1182	DRAFMSGAMR	ATVRNVAKYF	PTAI VSGRSR	DKVYDFVGLA	ELYAGSHGM	186

SEQ-ID-NO:933	DI KGPAKGFS	RHK	---RVKQSL	LYQPASDYL P	MI DEVYRQLL	214
SEQ-ID-NO:1142	DI MAPSANHE	HSA	---EKSKQAN	LFQPAHDFLP	MI DEVTKSLL	223
SEQ-ID-NO:1146	DI VITSAPEHN	TEK	---GKEAN	LFQPALEFLP	MI DEVSKSLL	220
SEQ-ID-NO:1140	DI VITSAAHA	TEK	---CKEAN	LFQPACEFLP	MI NEVSKQLV	221
SEQ-ID-NO:1144	DI MGPIRKSE	SNGHVECV R	STDSEGKEVN	LFQPA SEFLP	MI AEFVFNLS	233
SEQ-ID-NO:926	DI MGPKVTE	SDDGHPNVR	SI DQEGKEVN	LFQPA REFLP	MI DEVFRTL V	237
SEQ-ID-NO:1129	DI MSPAGE SL	NHEHSRTV	SVYEGGKDV N	LFQPA SEFLP	MI DKVLC SLI	236
SEQ-ID-NO:1148	DI I GPSRQSI	SDNHPDCI S	SADKQGVQVN	LFQPA AEFLP	MI NEVLGLLK	233
SEQ-ID-NO:1150	DI MGPIRQSV	SDDHRNCI K	STDKQGVQVN	LFQPA REFLP	MI DEVYSSLV	238
SEQ-ID-NO:1182	DI MGPIRVSVS	DDY---SCIR	STNKQGVQVN	LFQPA GEFLP	MI DEVFRSLI	233

SEQ-ID-NO:933	EKT KIST PGVI	VENNKFCASV	HFR CVDEKKW	SELV LQVRSV	LN EYPRRLKLN	264
SEQ-ID-NO:1142	QVVSGI EGAT	VENNKFCVSV	HYRNVAEKDW	KLVARLVNEV	LEAFPRRLKVT	273
SEQ-ID-NO:1146	EATSGI KGAN	VENNKFCVSV	HYRNVAEKDW	KVVARLVNEV	LEAFPRRLKVT	270
SEQ-ID-NO:1140	EVTSSJ EGAR	VENNKFCVSV	HYRNVAEKDW	KVVA GLVKQV	LEAFPRRLKVT	271
SEQ-ID-NO:1144	ESTKGI EGAR	MEDNKFCVSV	HYRNVAPHDY	ETVHORVTAV	LKDYPCRLT	283
SEQ-ID-NO:926	ENTKDI KGAK	VENHKFCISV	HYRNVEEKNW	PII AQCVDHI	LKDYPRRLT	287
SEQ-ID-NO:1129	ESTKDI KGVK	VEDNKFCISV	HYRNVEEKNW	TLVAQCVDV D	IRTYPKLRLT	286
SEQ-ID-NO:1148	ECTEDI EGAT	VENNKFCVSV	HYRNVDEESW	QI VGORVYDV	LKEYPRRLT	283
SEQ-ID-NO:1150	RI TEDI KGAT	VENNKFCVSV	HYRNVDDQDNW	KSMGERVQDV	LKKYPRRLT	288
SEQ-ID-NO:1182	ELTKDI TGAK	VENNKFCVSV	HYRNVDEKSW	SALGESVDEL	LKHYPRLRLT	283

Figura 9 (continuación)

SEQ-ID-NO:933	QGRKVFETIRP	MI EWDKGKAL	EFLLESGLFG	NSNNVFPVYI	GDDRT DEDAF	314
SEQ-ID-NO:1142	NGRMVLEVRP	VI DWDKGKAV	EFLLOSLGLN	DSENVPI YI	GDDRT DEDAF	323
SEQ-ID-NO:1146	NGRMVLEVRP	VI DWDKGKAV	EFLLOSLGLN	DSENVPI YI	GDDRT DEDAF	320
SEQ-ID-NO:1140	NGRMVLEVRP	VI DWDKGKAV	EFLLRSLGLS	DSEDDVPI YI	GDDRT DEDAF	321
SEQ-ID-NO:1144	HGRKVLEVRP	VI DWNKGGKAV	EFLLESGLGN	DRDDVLP I YV	GDDKT DEDAF	333
SEQ-ID-NO:926	HGRKVLEVRP	VI DWNKGGKAV	EFLLESGLGN	DRDDVLP I YV	GDDKT DEDAF	337
SEQ-ID-NO:1129	HGRKVLEIRP	VI DWDKGKAV	TFLLESGLGN	NCEDVLP I YV	GDDRT DEDAF	336
SEQ-ID-NO:1148	HGRKVLEVRP	VI DWDKGKAV	TFLLESGLGN	NCDDVLA I YV	GDDRT DEDAF	332
SEQ-ID-NO:1150	HGRKVLEIRP	VI DWDKGKAV	EFLLESGLS	NCDDVLP I YV	GDDRT DEDAF	338
SEQ-ID-NO:1182	HGRKVLEVRP	VI DWDKGKAV	EFLLESGLK	NCDDVLP I YV	GDDRT DEDAF	333

SEQ-ID-NO:933	KLLRDR -GEG	CGVLVSKF PK	DTDAISY LQD	PSEASDEF LA	TI GGVET NAA	363
SEQ-ID-NO:1142	KVLRQR -NCG	YGI LVSQV PK	ETEAFYSLRD	PSEV -MEFLN	FLVRWKKHSV	371
SEQ-ID-NO:1146	KVLRKR -NCG	YGI LVSQV PK	DTEAFYSLRD	PSEV -MAFLN	SLVRWKKHSL	368
SEQ-ID-NO:1140	KVLRER -SCG	YGI LVSQV PK	DTEAFYSLRD	PSEV -MGFLN	SLVRWKKHPL	369
SEQ-ID-NO:1144	KVLKAN -NHG	YGI LVSQV PK	DSDAFYSLRD	PSEV -MEFLR	TLAAWKEGSS	381
SEQ-ID-NO:926	KVLKEG -NMG	YGI LVSQV PK	ESNAFYSVRD	PSEV -KKFLK	ALVRWKRLEE	385
SEQ-ID-NO:1129	KVLRDGNHG	YGI LVSQV PK	DSNAFYSLRD	PSEV -MEFLK	SLVT WKRSMG	385
SEQ-ID-NO:1148	KVLKEA -NKG	YGI LVSQV PK	ESNAFYSLRD	PSEV -MEFLT	SLAEWKSSIQ	380
SEQ-ID-NO:1150	KVLRER -NCG	YGI LVSQV PK	ESNAFYSLRD	PAEV -MEFLK	SLVT WKKSSA	386
SEQ-ID-NO:1182	KVLRER -NKG	YGI LVSQV PK	ESSAFYSLRD	PSEV -MEFLK	CLVSWKKSSG	381

SEQ-ID-NO:933	KSVKRMVY	371
SEQ-ID-NO:1142	-----	371
SEQ-ID-NO:1146	-----	368
SEQ-ID-NO:1140	-----	369
SEQ-ID-NO:1144	-----	381
SEQ-ID-NO:926	A-----	386
SEQ-ID-NO:1129	-----	385
SEQ-ID-NO:1148	AR-----	382
SEQ-ID-NO:1150	L-----	387
SEQ-ID-NO:1182	FSY-----	384

Figura 9 (continuación)

SEQ-ID-NO:74	MYATLPSP	PKS	HAFSPN	KTSSSLRT	RAASEK	TEGNS	45
SEQ-ID-NO:60	MAGTL	VNSAGR	FSPG	NCI	RFYSGT	TGAPSF	44
SEQ-ID-NO:915	MAGTL	VNSAGR	FSPG	NCI	RFYSGT	TGAPSF	44
SEQ-ID-NO:62	MSGTL	AVNSLR	RSSPG	NS	RLHNGN	TGATSF	47
SEQ-ID-NO:152	MSGTL	GVNSLR	RSSPG	NS	RLHNGN	TGATSF	47
SEQ-ID-NO:98	MSSLP	NSISL	---	---	SRI	AASTAY	41
SEQ-ID-NO:102	MSPRPAM	SPSFLA	FRPG	SP	PRLN	ASFSA	42
SEQ-ID-NO:104	MA	SSSSPC	FFP	---	RYNKHNS	SASFA	35
SEQ-ID-NO:74	---	AAVAL	AGS	LYEIL	ASLNEI	RSLAKV	83
SEQ-ID-NO:60	AQTLNAEP	TESVRR	RVS	YELL	ASLTEI	RSLAKV	94
SEQ-ID-NO:915	AQTLNAEP	TESVRR	RVS	YELL	ASLTEI	RSLAKV	94
SEQ-ID-NO:62	AQTLNAEP	TESVRR	RVS	YELL	ASLTEI	RSLAKV	97
SEQ-ID-NO:152	AQTLNAEP	TESVRR	RVS	YELL	ASLTEI	RSLAKV	97
SEQ-ID-NO:98	QKAS	SRPGMA	AGTS	LYEVL	ASNQEI	RRARV	91
SEQ-ID-NO:102	---	STAVTA	---	FYDVL	ASPREI	RRALAV	88
SEQ-ID-NO:104	---	TSER	PIGT	LYEVL	ADTMEI	RRLARV	82
SEQ-ID-NO:74	A	NRSS	SD	YATLS	AVYDMS	ARRIR	125
SEQ-ID-NO:60	A	---	SESD	YATLAD	AIYDSTL	RRRVH	137
SEQ-ID-NO:915	A	---	SESD	YATLAD	AIYDSTL	RRRVH	137
SEQ-ID-NO:62	A	---	SESD	YATLAD	AIYDSTL	GRRMH	141
SEQ-ID-NO:152	A	---	SESD	YATLAD	AIYDSTL	GRRMH	141
SEQ-ID-NO:98	VVTI	DRKDS	---	YSTLS	AVYDSK	RCOR	134
SEQ-ID-NO:102	AAP	HPASS	---	YSTLS	ADYDRR	AGRRRA	137
SEQ-ID-NO:104	V	---	GNLNSS	YATLS	ADYDRS	RRPAA	122
SEQ-ID-NO:74	---	TRVY	---	CW	---	---	140
SEQ-ID-NO:60	MGRSG	RVYA	---	CW	---	---	157
SEQ-ID-NO:915	MGRSG	RVYA	---	CW	---	---	157
SEQ-ID-NO:62	TGRT	SRVY	---	CW	---	---	161
SEQ-ID-NO:152	MGRT	SRVY	---	CW	---	---	161
SEQ-ID-NO:98	PLT	SAMF	SG	CW	---	---	156
SEQ-ID-NO:102	LGRS	PSFP	AR	CW	---	---	159
SEQ-ID-NO:104	VGRS	CS	---	CW	---	---	143

Figure 10

SEQ-ID:NO:408	MEV MKV KVE	ED	ASSSV GSSS	AVL P MEGLHD	VGPPPF LSKT	36
SEQ-ID:NO:364	ME-ELKVEME	EETVT FTGSV	ASSSSSSS	SPRPMEGLNE	TGPPPF LTKT	49
SEQ-ID:NO:407	ME-GVVK-E	EETVT CTGGG	ASSSSSSS	SPHPMEGLNE	VGPPPF LTKT	48
SEQ-ID:NO:421	MD-GASGG--	---	SGGEGSITQ	T P A P T P M N A	N A P P P F L S K T	37
SEQ-ID:NO:410	MDK P V A P G I	KEEL EQOPP	TQDGVGGGD	APRMEGLHE	VGPPPF LTKT	50
SEQ-ID:NO:413	MD-PAAAGIV	KEEM ESQQQ	QRQEDGGA--	APRMEGLHE	VGPPPF LTKT	47
SEQ-ID:NO:408	YEMVEDSSTD	QVI SWS TTRN	SFI VWD SHKF	STLLPRFFK	HSNFSSFI RQ	86
SEQ-ID:NO:364	YEMVEDPATD	TVVSWNCRN	SFV VWD SHKF	STLLPRYFK	HSNFSSFI RQ	99
SEQ-ID:NO:407	YEMVEDPSTD	TVVSWGGRN	SFI VWD SHKF	STLLPKHFK	HSNFSSFI RQ	98
SEQ-ID:NO:421	YDMVDDPSTD	AI VSWATNN	SFV VWD PPEF	ARDLLPKFFK	HNNFSSFVRQ	87
SEQ-ID:NO:410	FDLVEDPATD	AVLSWSRAGN	SFI VWD PHVF	AYGLLPRLFK	HSNFSSFVRQ	100
SEQ-ID:NO:413	YDLVEDPATD	GVVSWSRAGN	SFV VWD PHVF	ADLLPRLFK	HNNFSSFVRQ	97
SEQ-ID:NO:408	LNTYGFRKVD	PDRWEFANEQ	FLGGQKHLK	TI KRRRNV--	-----GQS	127
SEQ-ID:NO:364	LNTYGFRKI D	PDRWEFANEQ	FLAGQKHLK	NJ KRRRN--	-----GLQNV	142
SEQ-ID:NO:407	LNTYGFRKVD	PDRWEFANEQ	FLGGQKHLK	TI KRRRH--	-----SQT	139
SEQ-ID:NO:421	LNTYGFRKVD	PDRWEFANEQ	FLRGQKLLK	SI SRRKPAHG	HTQQQAQQPH	137
SEQ-ID:NO:410	LNTYGFRKVD	PDRWEFANEQ	FLRGQRHLK	MJ KRRKPP--	-----SAVAPL	144
SEQ-ID:NO:413	LNTYGFRKVD	PDRWEFANEQ	FLRGQRHLK	TI KRRKPP--	-----SNAPP	140
SEQ-ID:NO:408	MNQ QSGACI	EI GYGM EEE	LERLKRDKNV	LMTEI VKLRQ	QQOSTRNOI	177
SEQ-ID:NO:364	NOQSGMSCV	EVGOYGF DGE	VERLKRDRNV	LVAE VVRLRQ	QQHSSKSQVA	192
SEQ-ID:NO:407	TQQGGGACI	ELGQFEFEGE	LERLKRDRNV	LMAEI VRLRQ	QQQSSREHI A	189
SEQ-ID:NO:421	QQSSVMGACV	EVGKFGLEEE	VERLKRDKNV	LMQEL VRLRQ	QQQT DQQLQ	187
SEQ-ID:NO:410	RQORAPASCL	EVGEFGFEFE	DRLKRDKNI	LI TEVVKLRQ	EQQT KDHRV	194
SEQ-ID:NO:413	SQQSLT SCL	EVGEFGFEFE	DRLKRDKNI	LI TEVVKLRQ	EQQAT KDHYK	190
SEQ-ID:NO:408	AMGEKTEIQE	RKQVQMSFL	AKL FSNPTFL	QQYL DKQVHR	KDKQ-RTEVG	226
SEQ-ID:NO:364	AMEQRLVTE	KRQQQMMTFL	AKALNNPNFV	QQFAVMSKEK	KSLF-GLDMG	241
SEQ-ID:NO:407	AMEDRLRSTE	RKQQRVMTFL	AKALNNPSFL	EQFAQRAAQR	REI R-GVEIIG	238
SEQ-ID:NO:421	TMVORLQME	QRQQQMSFL	AKAVQSPGFF	AQFVQQQNDIS	NRRI TEV NKK	237
SEQ-ID:NO:410	AMEERLRAE	QKQVQMMGFL	ARAMRNPEFF	QQLAQQDKR	KELEDI SKK	244
SEQ-ID:NO:413	AMEDRLRAE	QKQVQMMGFL	ARAMRNPEFF	QQLAQQKEKR	KELEDAI SKK	24C

Figura 11

SEQ-ID-NO:408	VEVEDLV	VKTPEW	QDLVDQLGF	L	---	---	351
SEQ-ID-NO:364	VKVEDLV	GSPLDWD	HDMDQMGF	LGSEP	---	---	345
SEQ-ID-NO:407	VEVEDLV	AKPYDW	FQDLVDQMGY	LRREWWK	FQH	GQQLLCSSV	392
SEQ-ID-NO:421	I SRGNEVQPT	ENGWNNITQP	LDQLTEQMGL	LSSDAKR	---	---	502
SEQ-ID-NO:410	GR	---	VNDLAQQLGY	LSSISP	---	---	357
SEQ-ID-NO:413	GK	---	DELAQQLGY	LSSITSPK	---	---	358

---	---	351
---	---	345
SFLN	---	396
---	---	502
---	---	357
---	---	358

Figura 11 (continuación)

SEQ-ID:NO:326	MEAAVA	---AAGAV	TTAVAV	AVSNGV	PPFL	45
SEQ-ID:NO:335	MDGVTGGDSK	---SGEAT	TAPPLRNPHI	ATLGTNALP	PPFL	45
SEQ-ID:NO:311	MDVSKVTISD	G---GGDSM	EIKPSPPQP	AALSS-SNAP	PPFL	45
SEQ-ID:NO:322	MEPNSSSGSGK	AAVGDGGGG	APMLQPAAP	APMPS-ANAP	PPFL	49
SEQ-ID:NO:323	MEPNSVGSCK	AAV---GDGVG	APMLQTAAP	APIPS-ANAP	PPFL	47
SEQ-ID:NO:319	MDGNTTAS-	---GGDAS	TSGGVALAAP	VPMASQSNSP	PPFL	44
SEQ-ID:NO:321	MDGRASSSV-	---GGEAS	---PIAPAP	VPI TN-ANAP	PPFL	38
SEQ-ID:NO:320	MDGASGGSG-	---GGEGS	TT---QIPAP	TPMLN-ANAP	PPFL	40
SEQ-ID:NO:326	VDDPATDAVV	SWGPGNNSFV	VWNIPEFARD	LLPKYFKHNN	FSSFVRQLNT	95
SEQ-ID:NO:335	VEDPASDAIV	SWSPANNSFV	VWDPPEFSRS	LLPRYFKHNN	FSSFVRQLNT	95
SEQ-ID:NO:311	VDDHNTDSIV	SWSANNSFI	VWKPPEFARD	LLPKNFKHNN	FSSFVRQLNT	95
SEQ-ID:NO:322	VDDPSTDKIV	SWSPTNNSFV	VWDPPEFAKD	LLPKYFKHNN	FSSFVRQLNT	99
SEQ-ID:NO:323	VDDPSTDKIV	SWSPTNNSFV	VWDPPEFAKD	LLPKYFKHNN	FSSFVRQLNT	97
SEQ-ID:NO:319	VDDPEITDAVV	SWSITNNSFV	VWNPPEFARD	LLPKYFKHNN	FSSFVRQLNT	94
SEQ-ID:NO:321	VEDPSTDSIV	SWSPTNNSFV	VWNPPEFARD	LLPKHFKHNN	FSSFVRQLNT	88
SEQ-ID:NO:320	VDDPSTDAIV	SWSATNNSFV	VWDPPEFARD	LLPKFFKHNN	FSSFVRQLNT	90
SEQ-ID:NO:326	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLKTI N	RRKPIHGNNO	VQ-----	137
SEQ-ID:NO:335	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLKTI S	RRKSTQHGCS	SSSNPQ----	142
SEQ-ID:NO:311	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLQSI T	RRKPAHGCGQ	GHQRSQ----	141
SEQ-ID:NO:322	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLKSI S	RRKPAHGHAQ	QQQQPHGHAQ	149
SEQ-ID:NO:323	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLKSI S	RRKPAHGHAQ	QQQQPHGNAQ	147
SEQ-ID:NO:319	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLRTI S	RRKPAHGHTN	QQPQ-----	138
SEQ-ID:NO:321	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKHLKTI T	RRKPAHGHNQ	QAQ-----	131
SEQ-ID:NO:320	YGFRKVDPDR	WEFANEGLR	GQKLLKSI S	RRKPAHGHTQ	QQAQ-----	134
SEQ-ID:NO:326	---QPQLPIAA	PVPACVEVGK	FGMEEEI EML	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQT	184
SEQ-ID:NO:335	---SHQGHMA	SLSSCVEVGK	FGLEEEVEQL	KRDKNVLMQE	LVKLRQQQQS	189
SEQ-ID:NO:311	---HSNGQNS	SVSACVEVGK	FGLEEEVERL	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQS	188
SEQ-ID:NO:322	QQMPPGHSA	SVGACVEVGK	FGLEEEVERL	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQS	199
SEQ-ID:NO:323	QQMPPGHSA	SVGACVEVGK	FGLEEEVERL	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQA	197
SEQ-ID:NO:319	---QARGONS	TVGACVEVGK	FGLEEEVERL	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQS	185
SEQ-ID:NO:321	---QAHGOSS	SVGACVEVGK	FGLEEEVEJL	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQA	178
SEQ-ID:NO:320	---QPHGOSS	SVGACVEVGK	FGLEEEVERL	KRDKNVLMQE	LVRLRQQQQT	181

Figura 12

SEQ-ID:NO:326	T DHQLQTLGK	RLQGMQRQQ	QMSFLAKAM	HSPGFLAQFV	Q--QNE ^{NSR}	231
SEQ-ID:NO:335	T DSKLQSMVK	S LQIMEQRQQ	QI MSFLAKAV	QNPITFLSQFI	QK--QID ^{SGN}	237
SEQ-ID:NO:311	T DNQLQTMVQ	RLQGMNRQQ	QL MSFLAKAV	QSPHFLSQFL	QQNQQNESN	238
SEQ-ID:NO:322	T DNQLQGMVQ	RLQGMELRQQ	QMSFLAKAV	NSPGFLAQFV	Q--QQNESN	246
SEQ-ID:NO:323	T DNQLQGMVQ	RLQGMELRQQ	QMSFLAKAV	NRPGFLAQFV	Q--QQNESN	244
SEQ-ID:NO:319	T DSQQLQTMVQ	RLQGMQRQQ	QMSFLAKAM	QSPGFLAQFV	Q--QQNESS	232
SEQ-ID:NO:321	T DNQLQSMVQ	RLQGMQRQQ	QMSFLAKAV	QSPGFLAQFV	Q--QQNESS	225
SEQ-ID:NO:320	T DGQLQTMVQ	RLQGMQRQQ	QMSFLAKAV	QSPGFFAQFV	Q--QQNDSN	228
SEQ-ID:NO:326	RRIVASNKKR	RLPKQDGS-	DSESASLDGQ	VKYQPMINE	AAKAMLRKIL	280
SEQ-ID:NO:335	MHVTEASKKR	RLIT----	EDAAAASDGQ	VKYQPIRSD	SITMSMMWMM	280
SEQ-ID:NO:311	RRISDTASKKR	REKRDGTVR-	NDSATPDGQ	VKYQPMHE	QAKAMFKQLM	287
SEQ-ID:NO:322	KRI AEGSKKR	RI KODI ESQ-	DPSVTPADGQ	VKYQPGINE	AAKAMREL	295
SEQ-ID:NO:323	KRI AEGSKKR	RI KODI ESQ-	DPSVTPADGQ	VKYQPGINE	AAKAMREL	293
SEQ-ID:NO:319	RRITEANKKR	RLKPEDVSE-	NEGSSAPDGQ	VKYQPMNE	AAKAMLRQVM	281
SEQ-ID:NO:321	RRITEANKKR	RLKQEGIGE-	MEHTAASDGQ	VKYQPLINE	AAKAMLRQMM	274
SEQ-ID:NO:320	RRITEANKKR	RLKQDGLAET	TEQAIPPDGQ	VKYQPMME	TAKAMLRKIM	278
SEQ-ID:NO:326	KLDSSHRFES	MGNS-DN ^{FL} LL	ENYMPNGQGL	DSS-SSIRMS	GVTLAEV ^{PAN}	328
SEQ-ID:NO:335	-----KMEP	---NTDEK ^{FP}	GNGTSITTEGT	EMETSSNQVS	GVTFOEV---	301
SEQ-ID:NO:311	KLDSSPRLN	FNSPESFLI	GDGSPQSNNA-	-----SSGRVS	GITLKEM---	328
SEQ-ID:NO:322	KLDSSPRLDN	FNSPESFLI	GDGSPQSNNA-	-----SSGRVS	GVTLQEV ^{PPT}	340
SEQ-ID:NO:323	KMDAPSRLES	YDTNLDGFLI	GNGSPSSSAK	-----SSGRVS	GVTLQEV ^{PPT}	338
SEQ-ID:NO:319	KLDTSRLES	FNNADNYLI	GDHSSSSGAT	DGSSSSSRMS	GVTLQEV---	328
SEQ-ID:NO:321	KWDTP-RVES	FKNP ^{DNY} LI	GDGTS ^{PSS} SAM	DRGNSLSRITS	GVTLOMV ^{PLT}	323
SEQ-ID:NO:320	-----	-----	-----	DSSSSTSWNS	GVTLQEV ^{PPS}	327
SEQ-ID:NO:326	S-GLPYVAITS	SGLSAI C-ST	STPQIQ----	-----CPV ^{LDN}	GI PKEV ^{PNMS}	369
SEQ-ID:NO:335	-----LPTI	SGQSQAY	TTFE-----	VSAISEAT ^{EN}	-----	313
SEQ-ID:NO:311	S-GKPLINTA	SAI AGQSL ^P	ATSEM ^{QSS} SSPIE	LGTCSEIT ^{NN}	QLSNIPL ^{LVG}	356
SEQ-ID:NO:322	S-GKPLINTA	SAI AGQSL ^P	ATSEM ^{QSS} SSPIE	LGTCSEIT ^{NN}	QLSNIPL ^{LVG}	388
SEQ-ID:NO:323	-----PAA	SGI SGHCP ^{MA}	AJSEIQSSPH	IASSEKAT ^{AS}	QFPESL ^{LVG}	386
SEQ-ID:NO:319	T QSSHPSA	TGI-GDD ^{PST}	GKSEI ^{LST} PQ	VVACDEV ^{TKA}	QYSNV ^{NVSVG}	370
SEQ-ID:NO:321	SVQSTQ ^{PVS}	TGTQCHI ^{PSA}	EKPEL ^L SVPO	AAASANV ^{MMK} D	-----G	372
SEQ-ID:NO:320	-----	-----	-----	-----	-----	368

Figura 12 (continuación)

SEQ-ID-NO:326	AVPSVPKAVA	PGPTDINILE	FPDLQDIAE	ENVDIPGGGF	EMPG---	PEIG	416
SEQ-ID-NO:335	---	SSASTSL	MPMPPMQE	SISDSPITENY	MNAEKDVSEA	---	353
SEQ-ID-NO:311	---	PSPDDLTPD	FTH---MLPE	NNSEKPPESF	MEPNLGGSSP	---	395
SEQ-ID-NO:322	GEDLHP--GS	LSASDMI MPE	LSQLQGI LPE	NNTDVI G---	---	---	426
SEQ-ID-NO:323	GEDLHP--GS	LSASDMI MPE	LSQLQGI LPE	NNTDVI G---	---	---	424
SEQ-ID-NO:319	GGAPS---	LPQADII MPQ	VSQLQGI LPE	ADIPGEDY	MEPEITS-SDV	---	417
SEQ-ID-NO:321	ESNAPA---	ATQDEI MRD	STIPDI VAG	LIDIPQENY	MAPEITG-GEIG	---	419
SEQ-ID-NO:320	THAAST---	TSQADVI MPD	PSVPEI VPK	SILDIPEDNY	MAPEIT--DDG	---	414
SEQ-ID-NO:326	VFSL-PEEGD	DSVPIETDEI	LYNDDITQKLP	ATDS-	---	FWEQF	455
SEQ-ID-NO:335	FTSPSPFLDG	GSPVNLQLEGL	PQDLID---	ELMSN-	---	CDITFEY	392
SEQ-ID-NO:311	LLDP-DL	DSL SFDI DDF	PMDSDI D---	-PVDY-	---	GLLERL	431
SEQ-ID-NO:322	FMD--TI AVE	GKMGLDIGSL	SPGADI DWQS	GLLDEI QEFP	SVGDPFWEKF	---	474
SEQ-ID-NO:323	FMDTSAVEGK	VGLDIGSCL	SPGADI DWQS	GLLDEI EFP	SVGDPFWEKF	---	474
SEQ-ID-NO:319	FLDPASLGIN	DTIPI DIDNI	SPDPID---	ALLDN-	---	SSFWDLL	456
SEQ-ID-NO:321	FMDPTSEGVN	VSLPIDFDSI	SPEADID---	DLLNN-	---	PHFWDI	458
SEQ-ID-NO:320	FMDPSSLG--	SLPIDLDCL	SPGADID---	DLLSN-	---	SIWDDL	449
SEQ-ID-NO:326	LVASPLSMVN	DEVDSG-VLD	QKETQCG-NG	MT-KAENMAN	LTEQMGL--L	---	500
SEQ-ID-NO:335	LAQSPVFGD-	---	ETLES	SDANGGHVDK	LLELGH--L	---	425
SEQ-ID-NO:311	LMSSPVPDNM	DSITPVD-	NETEQEONG	WD-KTKHMDN	LTEQMGL--L	---	473
SEQ-ID-NO:322	L-QSPSSPDA	AMDD--SN	TSETKQI NG	WD-KTONMEH	LTEQMGTNI	---	520
SEQ-ID-NO:323	L-QSPSPDA	AMDD--SN	TSETKQI NG	WD-KTONMEH	LTEQMGTNI	---	520
SEQ-ID-NO:319	LQSPVPEDI	ESSVVEGKAN	GNDVHQI I NG	WD-KAQHMDQ	LTEQMGL--L	---	503
SEQ-ID-NO:321	L-RTPVSEEI	DTNDAE-VFK	ENEVQPMENG	LD-ESQNMDDQ	LTEQMGL--L	---	503
SEQ-ID-NO:320	L-OTPIPEDF	EANDE-SR	GNEVQPTENG	WDNNITQPLDQ	LTEQMGL--L	---	495
SEQ-ID-NO:326	SSHHTG---	---	---	---	---	---	506
SEQ-ID-NO:335	TSETKQL	---	---	---	---	---	432
SEQ-ID-NO:311	SPETLDLSRQ NP	---	---	---	---	---	485
SEQ-ID-NO:322	KQKHM	---	---	---	---	---	527
SEQ-ID-NO:323	KQKHM	---	---	---	---	---	527
SEQ-ID-NO:319	SSDRKQL	---	---	---	---	---	510
SEQ-ID-NO:321	SSDAKRI	---	---	---	---	---	510
SEQ-ID-NO:320	SSDAKRI	---	---	---	---	---	502

Figura 12 (continuación)

SEQ-ID:NO:282	MAI VYALVAR	GTVLAEFIA	VSGNAGAVAR	RI LEKLP-PD	ADSRQCF AQD	49
SEQ-ID:NO:256	MPJ LYAVVAR	GATVLAEHSA	AATNAGAVAR	QVLERLPGGG	ADSHVSYTQD	50
SEQ-ID:NO:268	MAI LYALVAR	GTVLAEHSA	AATNAGAIAR	QVLERLPDGG	ADSHVSYTQD	50
SEQ-ID:NO:294	MAI LYAVVAR	GTVLAEHSA	AATNAGAVAR	QVLERLPGGG	ADSHVSYTQD	50
SEQ-ID:NO:160	MAI LYALVAR	GTVVLSEFTA	TSTNASIT AK	QI LEKVP-GD	NDSNVSYSQD	49
SEQ-ID:NO:242	MGJ LYALVGR	GSVLAEFSG	TTTNASAIAR	QI LEKI P-GN	NDTHVSYSQD	49
SEQ-ID:NO:253	MGJ LYALVAR	GTVLALEFTG	TTTNAAAIAR	QI LEKI P-GN	NDTHVSYSQD	49
SEQ-ID:NO:162	MAI LYALVAR	GSVMLAEFTA	ASTNASAIAR	QI LDKI P-GD	NDNVSYSQD	49
SEQ-ID:NO:184	MAI LYALVAR	GSVLALEFTS	TATNASAIAR	QI LDKI P-GN	DDSNVSYSQD	49
SEQ-ID:NO:282	RYI FHVLRAD	AGITFLCMAN	DTFGRRIPFL	YLEDIQMRFM	KNYGRVAHSA	99
SEQ-ID:NO:256	RYVFHAKRTD	-GITALCMAD	DAAGRRIPFA	FLEDIHGKFF	KTYGRAALTA	99
SEQ-ID:NO:268	RYVFHAKRTD	-GITALCMAD	DAAGRRIPFA	FLEDIHGRFV	KTYGRAALTA	99
SEQ-ID:NO:294	RYVFHAKRTD	-GITALCMAD	EAAGRRIPFA	FLEDIHGRFV	KTYGRAALTS	99
SEQ-ID:NO:160	RYVFHVKRTD	-GLTVLCMAE	ETAGRRIPFA	FLEDIHQRFV	RTYGRAVHTA	98
SEQ-ID:NO:242	RYI FHVKRTD	-GLTVLCMAD	DTAGRRIPFA	FLEDIHQKFF	RTYGRAVHSA	98
SEQ-ID:NO:253	RYI FHVKRTD	-GLTVLCMAD	DSVGRRI PFA	FLEEI HQRFV	RSYGRAVHTA	98
SEQ-ID:NO:162	RYI FHVKRTD	-GLTVLCMAD	ESAGRRIPFA	FLEDIHQRFV	RTYGRAALTA	98
SEQ-ID:NO:184	RYI FHVKRTD	-GLTVLCMAD	ETAGRRIPFA	FLEDIHQRFV	RTYGRAALFSA	98
SEQ-ID:NO:282	LAYAMNDEFS	RVLHQMEFF	SSNPSADITLN	RLRGEVSETH	TVMVDNI EKI	149
SEQ-ID:NO:256	LAYAMNDEFS	RVLSQMDYY	SNDPSADQIN	LMRGEI SQVR	SVMI DNI DKV	149
SEQ-ID:NO:268	LAYAMNDEFS	RVLSQMDYY	SNDPSADRI N	RMERGEI SQVR	SVMI DNI DKV	149
SEQ-ID:NO:294	LAYAMNDEFS	RVLSQMDYY	SNDPNADRI N	RMERGEI SQVR	TVMI DNI DKV	149
SEQ-ID:NO:160	LAYAMNEEFS	RVLSQOI DYY	SNDPNADRI N	RI KGE MNQVR	GVM ENI DKV	148
SEQ-ID:NO:242	OPYGMNEEFS	RVLSQOEMEYF	SSDPNADRI N	RL KGE MSQVR	NVMI ENI DKV	148
SEQ-ID:NO:253	EAYAMNDEFS	RVLNQQMEYF	SSDPNADRI N	RL KGE MSQVR	NVMI ENI DKV	148
SEQ-ID:NO:162	LPYGMNDEFS	RVLSQOEMEYY	SSDPNADRI N	RL KGE MGSQVR	NVMI ENI DKV	148
SEQ-ID:NO:184	QAYAMNDEFS	RVLSQOEMEYY	TNDPNADRI N	RL KGE MSQVR	NVMI ENI DKV	148
SEQ-ID:NO:282	LDRGDRLELL	VDKTSITMQDS	AFHFRKOSKR	LRRALWMKNA	KLLAVLITVAJ	199
SEQ-ID:NO:256	LERGDRLELL	VDKTTMQGN	TVRFKQARR	YRSTVWWRNV	KLTAALITLLL	199
SEQ-ID:NO:268	LERGDRLELL	VDKTANMQGN	TVRFKQARR	FRNTVWWRNV	KLTAALITLLL	199
SEQ-ID:NO:294	LERGDRLELL	VDKTANMQGN	TVRFKQARR	FRNTVWWRNV	KLTAALITLLL	199
SEQ-ID:NO:160	LDRGERLELL	VDKTANMQGN	TVRFKQARR	FRNTVWWRNV	KLTVLITLLL	198
SEQ-ID:NO:242	LDRGDRLELL	VDKTANMQGN	TVRFKQARR	FRSTVWWRNV	KLTVLITLLL	198
SEQ-ID:NO:253	LDRGDRLELL	VDKAVANMQGN	TVRFKQARR	FRSTVWWRNV	KLTI ALI VVL	198
SEQ-ID:NO:162	LERGDRLELL	VDKTANMQGN	TVRFKQARR	FRNTVWWRNV	KLTI ALI VIL	198
SEQ-ID:NO:184	LERGDRLELL	VDKTANMQGN	TVRFKQARR	FRSTVWWRNV	KLTGALITLI	198

Figura 13

SEQ-ID:NO:282	VVLLYLLI SA	FCGG	LSLPSC	RS	221
SEQ-ID:NO:256	LVI VYI A F	VCHG	FTLPTC	R	221
SEQ-ID:NO:268	LVI I YVVL V F	VCHG	FTLPTC	R	221
SEQ-ID:NO:294	TVI I YVVL V F	MCHG	FTLPTC	R	221
SEQ-ID:NO:160	LVI I YI A V A F	LCHG	PTLPSC	F -	219
SEQ-ID:NO:242	LVI VYVVL A F	VCHG	PALPSC	F -	219
SEQ-ID:NO:253	LVI A VVVL A F	VCHG	PALPSC	F -	219
SEQ-ID:NO:162	LII YVVL A F	VCHG	TLPTC	K	220
SEQ-ID:NO:184	LVI I YVVL A F	VCHG	TLPTC	K	220

Figura 13 (continuación)

SEQ-ID-NO:17	DS	---	MELD	RWRSRLPEPT	CPAMAVAGYV	DGQLVVTVPK	GPAG	EEGADA	139	
SEQ-ID-NO:27	DD	---	MELD	RWRSRLPEAS	RPAMAVAGYV	DGQLVVTVPK	GREG	SEGADA	135	
SEQ-ID-NO:2	DE	---	LELD	VMRFRPEST	RPELVTVASM	DGDLI VTVPK	NAEE	ED--DG	180	
SEQ-ID-NO:23	DE	---	LELD	MWRFRLEPT	RPELVTVVCM	DGDLI VTVPK	MVPE	EE--DG	149	
SEQ-ID-NO:15	DD	---	LELD	MWRFRLEPT	RPELASAVYE	DGELI VTVPK	GGEV	ENLEDG	156	
SEQ-ID-NO:41	DD	---	LELD	MWRFRLEPT	RPELASAVLA	DGELI VTVPK	GE	GG--DG	145	
SEQ-ID-NO:21	DQ	---	LELD	MWRFRLEPT	RPELASAVFY	DGELI VTVPK	GHEE	EN--DG	150	
SEQ-ID-NO:19	DDL	DTELELN	LELD	RWFRLEPPST	RPALATAAYT	SGELVVTI PK	GAGPE	EE--DG	148	
SEQ-ID-NO:25	DD	RTATFELD	LELD	RWFRLEPPCT	RPTMATATYA	EGELI VTVPK	GAVP	DE--G	147	
SEQ-ID-NO:5	DD	GAVFELD	LELD	RWFRLEPPCT	LPAMATATYA	DGELVVTVPK	GAAP	DD--DG	150	
SEQ-ID-NO:17	G	---	QGEV	TWRCGGGK	---	I TGR	LVV	VQ	162	
SEQ-ID-NO:27	G	---	QGEV	TWRYCSGK	---	I SGR	LVV	VQ	158	
SEQ-ID-NO:2	G	---	GGD	---	FGQIG	---	SGR	LV	VQ	198
SEQ-ID-NO:23	G	---	GGD	---	FGQGA	---	SGR	LV	VQ	164
SEQ-ID-NO:15	N	---	GGD	---	ELRGGMG	---	GNNNNNNNR	LV	VQ	183
SEQ-ID-NO:41	D	---	GDR	---	NGEFRGGMG	---	NNNNNR	LV	VQ	171
SEQ-ID-NO:21	D	---	GDR	---	---	---	GGR	LV	VQ	165
SEQ-ID-NO:19	E	QEFFGGG	GGG	---	SGDLGGRD	---	I SH	LV	VQ	175
SEQ-ID-NO:25	D	---	GNAD	---	GAALGGS	---	AERV	LV	VQ	170
SEQ-ID-NO:5	D	---	GA	---	AAAVLGS	---	VVES	VLL	V	171

Figura 14 (continuación)

SEQ-ID·NO·1201	MAQRDKK--EE	PTELRAPE--I	T-----LCAN	NCGFPGNPAT	QNLCSQSCFSA	43
SEQ-ID·NO·1207	MAQRDKKVEE	PTELRAPE--L	T-----LCAN	SCGFPGNPAT	NNLCCQACFQA	44
SEQ-ID·NO·1195	MAQRTEK--E	ETEFKVPETL	T-----LCVN	NCGVTGNPAT	NNMCQKCFSA	43
SEQ-ID·NO·749	MAQRTEK--E	ETEFKVLETL	TTTTTLCIN	NCGVTANPAT	NNMCQKCFNA	48
SEQ-ID·NO·1201	ATASMSSSPIT	S--SSSSSTA	PAPAA-----	PPQPRPAPAE	LASPADAAVA	86
SEQ-ID·NO·1207	ATASSASASV	SPPSPSSSSIS	PSPAVFKFDE	QQHARPSATA	--VFADRPAAEQ	93
SEQ-ID·NO·1195	TTAATSSSSS	S--SSTNNTA	TSATD-----	DKSSRSTPTR	--SQDNRSDSA	85
SEQ-ID·NO·749	SLVSAAGGVV	E---SGSJL	-----	KRSARSVNLR	--SSPAKVVR	83
SEQ-ID·NO·1201	APAPEAAKAIP	ARIT-----	-----	--SANRCSSCR	KRVGLTGFRG	118
SEQ-ID·NO·1207	PPAPASARPI	RITTS-----	-----TSSS	SSVNRCSQSCR	KRVGLTGFRG	131
SEQ-ID·NO·1195	PIITTAATTAI	ATTNSPMTAS	NRSYDTAEK	KSVNRCSGCR	KRVGLTGFRG	135
SEQ-ID·NO·749	PREI DAVKKR	DQQ-----	-----	--VNRCSGCR	KKVGLTGFRG	115
SEQ-ID·NO·1201	RCGELFCGAH	RYSDRHGICSY	DYKGAARDAI	ARENPVVRAA	KI VRF	163
SEQ-ID·NO·1207	RCGELFCGAH	RYSDRRHDCQF	DYKAVGRDAI	ARENPVVRAA	KI VRF	176
SEQ-ID·NO·1195	RCGELFCSDH	RYSDRRHDCSY	DYKAAGREAI	ARENPVVAAA	KI I RV	180
SEQ-ID·NO·749	RCGELFCSEH	RYSDRRHDCSY	DYKTAGREAI	ARENPVVAAA	KMVKV	160

Figura 15

SEQ_ID_NO:1360	MAL	QI SKKR	KFVADGVFLA	ELNEMLTREL	GEDGFAGVEI	RVTPMRTEI I	49
SEQ_ID_NO:1340	MAT	QI SKKK	KFVSDGVFYA	ELNEMLTREL	AEDGYSGVEV	RVTPMRTEI I	49
SEQ_ID_NO:1347	MAT	QI SKKK	KFVSDGVFYA	ELNEMLTREL	AEDGYSGVEV	RVTPMRTEI I	49
SEQ_ID_NO:1311	MAT	QI SKKR	KFVADGVFYA	ELNEVLTREL	AEDGYSGVEV	RVTPMRTEI I	49
SEQ_ID_NO:1313	MAT	QMSKKR	KFVADGVFFA	ELNEVLTREL	AEDGYSGVEV	RVTPMRTEI I	49
SEQ_ID_NO:1353	MAT	QI SKKR	KFVADGVFFA	ELNEVLTREL	AEDGYSGVEV	RVTPMRTEI I	50
SEQ_ID_NO:1360	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSVVQKRNF	PDGVELYAE	KVLNRGLCAV	99
SEQ_ID_NO:1340	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSVVQKRNF	PENGVELYAE	KVVNRGLCAI	99
SEQ_ID_NO:1347	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSVVQKRNF	PENGVELYAE	KVVNRGLCAI	99
SEQ_ID_NO:1311	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSLVQKRKF	PQDSVELYAE	KVANRGLCAI	99
SEQ_ID_NO:1313	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSLVQKRKF	PQDSVELYAE	KVANRGLCAI	99
SEQ_ID_NO:1353	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSVVQKRKF	PENSVELYAE	KVNRHGLCAI	99
SEQ_ID_NO:1331	I RATRTQNVL	GEKGRRI REL	GEKGRRI REL	TSVVQKRKF	PENSVELYAE	KVNRHGLCAI	100
SEQ_ID_NO:1360	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRFVMS	GAKGCEVVS	GKLRAQRAKS	149
SEQ_ID_NO:1340	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRFVMS	GAKGCEVI VS	GKLRAQRAKS	149
SEQ_ID_NO:1347	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRYVMS	GAKGCEVI VS	GKLRAQRAKS	149
SEQ_ID_NO:1311	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRFVMS	GAKGCEVI VS	GKLRAARAK	148
SEQ_ID_NO:1313	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRFVMS	GAKGCEVI VS	GKLRAARAKS	149
SEQ_ID_NO:1353	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRFVMS	GAKGCEVI VS	GKLRAQRAKS	149
SEQ_ID_NO:1331	AQAESLRYKL	LGGLAVRRAC	LGGLAVRRAC	YGVLRFIMES	GAKGCEVI VS	GKLRAQRAKS	150
SEQ_ID_NO:1360	MKFKDGYMIS	SGQPVNEYID	SGQPVNEYID	AAVRHVLLRQ	GVGI KVKI M	LDWDPK	149
SEQ_ID_NO:1340	MKFKDGYMIS	SGQPVNEYID	SGQPVNEYID	AAVRHVLLRQ	GVGI KVKI M	LDWDPK	195
SEQ_ID_NO:1347	MKFKDGYMIS	SGQPVNEYID	SGQPVNEYID	AAVRHVLLRQ	GVGI KVKI M	LDWDPK	169
SEQ_ID_NO:1311	MKFKDGYMIS	SGQPVKDYID	SGQPVKDYID	SAVRHVLLRQ	GV	LDWDPK	148
SEQ_ID_NO:1313	MKFKDGYMIS	SGQPVKDYID	SGQPVKDYID	SAVRHVLLRQ	GV	LDWDPK	150
SEQ_ID_NO:1353	MKFKDGYMIS	SGHPVNEYID	SGHPVNEYID	SAVRHVLLR	GV	LDWDPK	181
SEQ_ID_NO:1331	MKFKDGYMIS	SGHPVNEYID	SGHPVNEYID	SAVRHVLLR	GV	LDWDPK	179

Figura 16