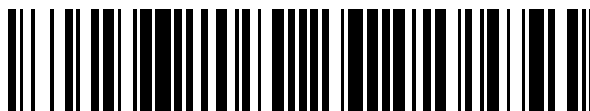


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 547 305**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

C12N 15/87 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.07.2008** **E 08776651 (5)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **01.07.2015** **EP 2183371**

54 Título: **Polinucleótidos, polipéptidos codificados por los mismos, y métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico y/o la biomasa y/o el rendimiento en plantas que los expresan**

30 Prioridad:

24.07.2007 US 935046 P

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

05.10.2015

73 Titular/es:

**EVOGENE LTD. (100.0%)
13 Gad Finstein Street
7612002 Rechovot, IL**

72 Inventor/es:

**RONEN, GIL;
KARCHI, HAGAI;
DIBER, ALEX;
VINOCUR, BASIA JUDITH;
AYAL, SHARON;
EMMANUEL, EYAL;
GANG, MICHAEL y
DIMET, DOTAN**

74 Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

Observaciones :

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

ES 2 547 305 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

Polinucleótidos, polipéptidos codificados por los mismos, y métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico y/o la biomasa y/o el rendimiento en plantas que los expresan

Campo y antecedentes de la invención

La presente invención, en algunas de sus realizaciones, se refiere a polipéptidos y a polinucleótidos aislados y más particularmente, a métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia de una planta al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, vigor y/o rendimiento de una planta.

Las condiciones de estrés abiótico (EAB; también denominado "estrés ambiental"), tales como salinidad, sequía, inundación, temperatura subóptima y polución química tóxica, causan daños sustanciales a plantas agrícolas. La mayoría de las plantas han desarrollado estrategias para protegerlas contra estas condiciones. Sin embargo, si la gravedad y duración de las condiciones de estrés son demasiado grandes, los efectos sobre el desarrollo, crecimiento y rendimiento son muy pronunciados. Además, la mayoría de las plantas de cultivo son muy susceptibles al EAB y por tanto requieren condiciones de crecimiento óptimas para rendimientos de cultivos comerciales. La exposición continua al estrés causa alteraciones principales en el metabolismo de las plantas conduciendo finalmente a la muerte celular y como consecuente a la pérdida de rendimiento. Por tanto, a pesar de llevar a cabo investigaciones de gran alcance y de tomar fuertes medidas en lo que respecta a la protección de los cultivos, anualmente continua habiendo pérdidas de billones de dólares anuales debido a condiciones de estrés abiótico.

La sequía es un fenómeno gradual, que implica periodos de clima anormalmente seco que persiste durante un tiempo suficiente largo como para producir graves desequilibrios hidrológicos, tales como daños a los cultivos y escasez de reservas hidrológicas. En casos graves, la sequía puede durar muchos años y producir efectos devastadores en la agricultura y en las reservas hidrológicas. Con el creciente aumento de la población y la escasez crónica de agua dulce disponible, la sequía no es solo el problema principal relacionado con el clima en la agricultura, sino que también destaca como uno de los principales desastres naturales de todos los tiempos, causando no solo daños económicos (por ejemplo, las pérdidas por sequía en los Estados Unidos en el año 1988 superaron los 40 billones de dólares), sino también pérdida de vidas humanas, como ocurrió entre 1984 y 1985 con la sequía en el Cuerno de África, que condujo a una hambruna que produjo la muerte de 750.000 personas. Además, la sequía se asocia con un aumento de la susceptibilidad a diversas enfermedades.

Para la mayoría de las plantas de cultivo, las regiones agrarias mundiales son demasiado áridas. Además, el uso excesivo de agua disponible produce una pérdida aumentada de terreno agrícolamente utilizable (desertificación), y un aumento de la acumulación de sales en suelos, añadido a la pérdida de agua disponible en los mismos.

La salinidad, altos niveles de sal, afecta a una de cinco hectáreas de tierra de regadío. Se espera que esta condición empeore únicamente, reduciendo adicionalmente la disponibilidad de tierra arable y la producción de cultivos, ya que ninguno de los cinco mejores cultivos alimenticios, es decir, trigo, maíz, arroz, patatas y soja, puede tolerar el exceso de sal. Los efectos perjudiciales de la sal en las plantas producen déficit hídrico que conduce a estrés osmótico (similar al estrés por sequía) y el efecto de exceso de iones de sodio sobre procesos bioquímicos críticos. Al igual que con la congelación y la sequía, el alto contenido en sal causa déficit hídrico; y la presencia de alto contenido en sal dificulta a las raíces de las plantas la extracción de agua de su entorno. La salinidad del suelo es por tanto una de las variables más importantes que determinan si una planta puede prosperar. En muchas partes del mundo, extensas áreas de tierra no son cultivables debido a una salinidad naturalmente elevada en el suelo. Por tanto, la salinización de los suelos que se usan para la producción agrícola es un problema significativo y que va en aumento en regiones que dependen en gran medida de la agricultura y está empeorando por un exceso de utilización, de fertilización y escasez de agua, típicamente causadas por el cambio climático y por las demandas de la población en aumento. La tolerancia a la sal es de particular importancia al inicio del ciclo de vida de las plantas, ya que la evaporación de la superficie del suelo causa un movimiento de agua ascendente y la sal se acumula en la capa superior del suelo donde se disponen las semillas. Por otro lado, normalmente la germinación se produce a una concentración salina que es más alta que el nivel salino medio en todo el perfil del suelo.

La germinación de muchos cultivos es sensible a la temperatura. Un gen que pudiese potenciar la germinación en condiciones cálidas podría ser útil para cultivos que se plantan en una estación tardía o en climas cálidos. Además, las plántulas y las plantas maduras que se exponen a un exceso de calor, pueden sufrir choque térmico, que puede originarse en diversos órganos, incluyendo las hojas y particularmente los frutos, cuando la transpiración es insuficiente para superar el estrés por calor. El calor también daña a las estructuras celulares, incluyendo los orgánulos y el citoesqueleto y altera la función de la membrana. El choque térmico puede producir una disminución en la síntesis global de proteínas, acompañado por expresión de proteínas de choque térmico, por ejemplo, chaperonas, que están implicadas en el repliegamiento de proteínas desnaturalizadas por calor.

El estrés por calor a menudo viene acompañado de condiciones de baja disponibilidad de agua. El propio calor se contempla como un estrés interrelacionado y añadido a los efectos perjudiciales causados por condiciones de déficit

hídrico. La demanda evaporativa de agua presenta aumentos casi exponenciales con aumentos en temperaturas diurnas y puede producir elevadas tasas de transpiración y bajos potenciales de agua para las plantas. Los daños al polen por altas temperaturas casi siempre se producen junto con estrés por sequía y raramente se producen en condiciones bien hidratadas. El estrés combinado puede alterar el metabolismo de las plantas de nuevas maneras; por lo tanto el entendimiento de la interacción entre diferentes estreses puede ser importante para el desarrollo de estrategias para potenciar la tolerancia al estrés mediante manipulación genética.

Las condiciones de enfriamiento excesivo, por ejemplo, bajas temperaturas, aunque por encima de la temperatura de congelación, afectan a cultivos de origen tropical, tales como soja, arroz, maíz y algodón. Los daños típicos por enfriamiento incluyen marchitamiento, necrosis, clorosis o filtración de iones de las membranas celulares. Los mecanismos subyacentes de sensibilidad por enfriamiento aún no se comprenden del todo, pero probablemente implican el nivel de saturación de membrana y otras deficiencias fisiológicas. Por ejemplo, la fotoinhibición de la fotosíntesis (interrupción de la fotosíntesis debido a altas intensidades de luz) a menudo se produce en condiciones atmosféricas claras posteriores a noches frías al final del verano/otoño. Además, el enfriamiento puede conducir a pérdidas de producción y a una menor calidad del producto a través de la maduración retrasada del maíz.

El déficit hídrico es un componente común de muchos estreses de plantas. El déficit hídrico se produce en las células de las plantas cuando toda la tasa de transpiración de la planta supera la captación del agua. Además de la sequía, otros estreses, tales como la salinidad y la baja temperatura, producen deshidratación celular.

La transducción de señales por estrés salino y sequía consiste en rutas de señalización de homeostasis iónica y osmótica. El aspecto iónico del estrés salino está señalizado mediante la ruta SOS en la que un complejo de proteína quinasa SOS3-SOS2 sensible a calcio, controla la expresión y la actividad de transportadores de iones tales como SOS1. El componente osmótico del estrés salino implica reacciones complejas en plantas que se solapan con respuestas al estrés por sequía y/o frío.

Aspectos comunes de respuesta al estrés provocado por sequía, por frío y por sal [Revisados en Xiong y Zhu (2002) Plant Cell Environ. 25: 131-139] incluyen: (a) cambios transitorios en los niveles de calcio citoplasmático de manera temprana en el evento de señalización [Knight, (2000) Int. Rev. Cytol. 195: 269-324; Sanders et al. (1999) Plant Cell 11: 691-706]; (b) transducción de señales mediante proteína quinasas dependientes de calcio (CDPK) y/o activadas por mitógeno y proteína fosfatasa [Merlot et al. (2001) Plant J. 25: 295-303; Tahtiharju y Palva (2001) Plant J. 26: 461-470]; (c) aumentos en los niveles de ácido abscísico en respuesta al estrés desencadenando un subconjunto de respuestas; (d) inositol fosfatos como moléculas señalizadoras (al menos para un subconjunto de los cambios transcripciones sensibles a estrés [Xiong et al. (2001) Genes Dev. 15: 1971-1984]; (e) activación de fosfolipasas que a su vez generan una diversa serie de moléculas mensajeras secundarias, algunas de las cuales podrían regular la actividad de las quinasas sensibles a estrés (por ejemplo, fosfolipasa D; Frank et al. (2000) Plant Cell 12: 111-124); (f) inducción de genes de tipo (LEA, *Late Embryogenesis Abundant*) abundantes en embriogénesis tardía, incluyendo los genes COR/RD sensibles a CRT/DRE; (g) niveles aumentados de antioxidantes y osmolitos compatibles, tales como prolina y azúcares solubles [Hasegawa et al. (2000) Annu. Rev. Plant Mol. Plant Physiol. 51: 463-499]; y (h) acumulación de especies de oxígeno reactivas tales como superóxido, peróxido de hidrógeno y radicales hidroxilo.

La biosíntesis de ácido abscísico se regula mediante estrés osmótico en etapas múltiples. El estrés osmótico tanto dependiente como independiente de ABA, señala modificando primero los factores de transcripción expresados constitutivamente, lo que conduce a la expresión de activadores transcripcionales de respuesta temprana, que después activan genes efectores de tolerancia al estrés aguas abajo.

Diversos genes que aumentan la tolerancia al estrés por frío o por sal también pueden mejorar la protección al estrés por sequía, éstos incluyen, por ejemplo, el factor de transcripción AtCBF/DREB1, OsCDPK7 (Saijo et al. 2000, Plant J. 23: 319-327) o AVP1 (una bomba de protones de pirofosfatasa vacuolar, Gaxiola et al. 2001, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98: 11444-11449).

El desarrollo de plantas tolerantes a estrés es una estrategia que tiene la posibilidad de resolver o mediar al menos algunos de estos problemas. Sin embargo, las estrategias tradicionales de reproducción de plantas usadas para desarrollar nuevas líneas de plantas que presenten tolerancia al EAB, son relativamente ineficaces dado que son tediosas, lentas y con resultados impredecibles. Además, los recursos limitados del germoplasma para la tolerancia al estrés e incompatibilidad en cruces entre especies de plantas distantemente relacionadas, representan problemas significativos encontrados en la reproducción convencional. Adicionalmente, los procesos celulares que conducen a tolerancia al EAB son complejos de naturaleza e implican mecanismos múltiples de adaptación celular y numerosas rutas metabólicas.

En la técnica se han descrito tentativas de modificación por ingeniería genética, destinadas a conferir tolerancia al estrés abiótico a cultivos transgénicos. Todos los estudios realizados por Apse y Blumwald (Curr Opin Biotechnol. 13: 146-150, 2002), Quesada et al. (Plant Physiol. 130:951-963, 2002), Holmström et al. (Nature 379: 683-684, 1996), Xu et al. (Plant Physiol 110: 249-257, 1996), Pilon-Smits y Ebskamp (Plant Physiol 107: 125-130, 1995) y Tarczynski et al. (Science 259: 508-510, 1993) han intentado generar plantas tolerantes al estrés.

Además, diversas patentes y solicitudes de patente de Estados Unidos también describen polinucleótidos asociados con tolerancia al estrés y su uso en la generación de plantas tolerantes al estrés. Las Patentes de Estados Unidos Nos 5.296.462 y 5.356.816 describen la transformación de plantas con polinucleótidos que codifican proteínas implicadas en la adaptación al frío en *Arabidopsis thaliana* para promover la tolerancia al frío.

La Patente de Estados Unidos Nº 6.670.528 describe la transformación de plantas con polinucleótidos que codifican polipéptidos que se unen a elementos sensibles a estrés para promover la tolerancia al estrés abiótico.

La Patente de Estados Unidos Nº 6.720.477 describe la transformación de plantas con un polinucleótido que codifica una proteína de transducción de señal relacionada con el estrés, capaz de aumentar la tolerancia al estrés abiótico de las plantas transformadas.

Las solicitudes de Estados Unidos N^{os} de Serie 09/938842 y 10/342224 describen genes relacionados con el estrés abiótico y su uso para conferir a las plantas tolerancia al estrés abiótico.

La Solicitud de Estados Unidos Nº de Serie 10/231035 describe la sobreexpresión de una sulfurasa de cofactor de molibdeno en plantas para aumentar la tolerancia al estrés abiótico.

El documento WO2004/104162 de Evogene Ltd. enseña secuencias de polinucleótidos y métodos para utilizarlas para aumentar la tolerancia de una planta a un estrés abiótico y/o aumentar la biomasa de una planta.

El documento WO2007/020638 de Evogene Ltd. enseña secuencias de polinucleótidos y métodos para utilizarlas para aumentar la tolerancia de una planta a un estrés abiótico y/o aumentar la biomasa, el vigor y/o el rendimiento de una planta.

El documento WO2007/049275 de Evogene Ltd. enseña polipéptidos aislados, polinucleótidos que codifican los mismos para aumentar la tolerancia de una planta al estrés abiótico, y/o o para aumentar la biomasa, el vigor y/o el rendimiento de una planta.

La técnica anterior adicional incluye las solicitudes de Patente de Estados Unidos Nos 20060183137A1 A1 y 20030056249A1.

El documento US 2004/0123343 desvela secuencias de polinucleótidos y plantas transgénicas.

Sumario de la invención

De acuerdo con un aspecto de la presente invención se proporciona un método.

De acuerdo con algunas realizaciones de la invención, la célula de la planta forma parte de una planta.

De acuerdo con algunas realizaciones de la invención, el estrés abiótico se selecciona del grupo que consiste en salinidad, sequía, falta de agua, baja temperatura, alta temperatura, toxicidad a metales pesados, anaerobiosis, déficit de nutrientes, exceso de nutrientes, polución atmosférica y radiación UV.

De acuerdo con algunas realizaciones de la invención, el método comprende adicionalmente cultivar la planta que expresa el polinucleótido exógeno en condiciones de estrés abiótico.

A menos que se defina otra cosa, todos los términos científicos y/o técnicos usados en el presente documento tienen el mismo significado que el normalmente entendido por un experto habitual en la técnica a la cual pertenece la invención. Aunque en la práctica o en los ensayos de las realizaciones de la invención pueden usarse métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en el presente documento, a continuación se describen métodos y/o materiales ejemplares. En caso de conflicto, se controlará la memoria descriptiva de la patente, incluyendo las definiciones. Además, los materiales, métodos y ejemplos son solo ilustrativos y no pretenden ser necesariamente limitantes.

Breve descripción de los dibujos

En el presente documento se describen algunas realizaciones de la invención, solo a modo de ejemplo, con referencia a los dibujos adjuntos. Con referencia específica ahora a los dibujos con detalle, se hace hincapié en que las particularidades mostradas son a modo de ejemplo y con el fin de comentar de manera ilustrativa las realizaciones de la invención. En este sentido, tomando la descripción junto con los dibujos, se pone de manifiesto para los expertos en la técnica cómo pueden llevarse a la práctica las realizaciones de la invención.

En los dibujos:

La FIG. 1 es una ilustración esquemática del plásmido binario pGI usado para expresar las secuencias de polinucleótidos aisladas de la invención. LD – límite derecho del ADN-T; LI – límite izquierdo del ADN-T; H-enzima de restricción *HindIII*; X - enzima de restricción *XbaI*; B - enzima de restricción *BamHI*; S - enzima de restricción *SalI*; Sm - enzima de restricción *SmaI*; R-I - enzima de restricción *EcoRI*; Sc - *SacI/SstI/Ec136II*; (números) - Longitud en pares de bases; pro NOS = promotor de nopalina sintasa; NPT-II = gen de neomicina fosfotransferasa; ter NOS = terminador de nopalina sintasa; señal Poli-A (señal de poliadenilación); GUSintrón - gen indicador GUS (secuencia codificante e intrón). Las secuencias de polinucleótidos aisladas de la invención se clonaron en el vector reemplazando al mismo tiempo el gen indicador GUSintrón.

Las FIGs. 2a-b son imágenes que representan la visualización del desarrollo radicular de plantas cultivadas en placas transparentes con agar. Los diferentes transgenes se cultivaron en placas transparentes con agar durante 17 días y las placas se fotografiaron cada 2 días comenzando el día 7. La Figura 2a es una imagen de una fotografía de las plantas tomada después de 12 días en placas con agar. La Figura 2b es una imagen del análisis radicular en la que la medida de la longitud de la raíz se representa con una flecha roja.

Descripción de realizaciones específicas de la invención

La presente divulgación se refiere, en algunos de sus aspectos, a polipéptidos aislados y a polinucleótidos que los codifican, y más particularmente, pero no exclusivamente, a métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico, la tasa de crecimiento, el rendimiento, la biomasa y/o el vigor de una planta.

Antes de explicar con detalle al menos una realización de la divulgación, debe entenderse que la invención no está necesariamente limitada en esta solicitud a los detalles expuestos en la siguiente descripción o ilustrados a través de los Ejemplos. La invención puede tener otras realizaciones o llevarse a la práctica o realizarse de diversas maneras.

Limitando la invención a la práctica, los autores de la presente invención han identificado nuevos polipéptidos y polinucleótidos que pueden usarse para aumentar la tolerancia al estrés abiótico y mejorar la tasa de crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el vigor de una planta.

Por tanto, como se muestra más adelante en la sección de Ejemplos, los autores de la presente invención han empleado una estrategia bioinformática que combina el agrupamiento y el conjunto de secuencias de bases de datos de los genomas de plantas de *Arabidopsis*, arroz y otros genomas de plantas disponibles para el público, etiquetas de secuencia expresada (EST, *Expressed Sequence Tags*), bases de datos de proteínas y rutas e información QTL (Quantitative Trait Locus, «locus de carácter cuantitativo») con un perfil de expresión digital (*Electronic Northern Blot*, Transferencia de Northern Electrónica) y han identificado polinucleótidos y polipéptidos que pueden aumentar la tolerancia al estrés abiótico y mejorar el crecimiento, la biomasa, el rendimiento y el vigor (SEC ID Nos: 1-200 y 1653 para los polinucleótidos; SEC ID Nos: 201-391 y 1655 para los polipéptidos; Tabla 1, Ejemplo 1). Se identificaron supuestos ortólogos con TEAB (Tolerancia al Estrés Abiótico) de especies monocotiledóneas mediante alineamientos de secuencias ortólogas y perfiles de expresión digital (SEC ID Nos: 392-960, 1656-1659 para los polinucleótidos; SEC ID Nos: 961-1529, 1660-1663 para los polipéptidos; Tabla 2, Ejemplo 1). Como se describe adicionalmente en las Tablas 3 y 4 de la sección de Ejemplos más adelante, se clonaron polinucleótidos representativos (polinucleótidos de SEC ID Nos: 1530, 1538, 1532, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1561, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543 y 1668). Se prepararon polinucleótidos adicionales que tenían secuencias de ácidos nucleicos optimizadas (polinucleótidos de SEC ID Nos: 1531, 1539, 1533, 1550, 1558, 1562, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551 y 1545). Como se describe adicionalmente en la sección de Ejemplos más adelante, se generaron plantas transgénicas que expresaban exógenamente los polinucleótidos de la invención clonados y/u optimizados. Como se muestra en las Tablas 5-76, estas plantas presentaron aumento del peso de la plántula, de la cobertura radicular, de la longitud radicular y de la tasa de crecimiento relativa, cuando se cultivaron en condiciones de estrés osmótico (en presencia de PEG al 25 %), con déficit de nitrógeno (en presencia de nitrógeno 0,75 mM) o en condiciones regulares. Además, como se muestra en las Tablas 77-188, las plantas que expresaban exógenamente los polinucleótidos de la invención, presentaron aumento del área de la roseta, del diámetro de la roseta, del área foliar promedio, de la tasa de crecimiento de lo anterior, de la biomasa de las plantas, del rendimiento de las semillas de las plantas, del peso de 1000 semillas y del índice de cosecha, cuando se cultivaban en condiciones de estrés por salinidad o en condiciones normales. En conjunto, estos resultados sugieren el uso de nuevos polinucleótidos y polipéptidos de la divulgación para aumentar la tolerancia al estrés abiótico, y mejorar la tasa de crecimiento, la biomasa, el vigor y/o el rendimiento de una planta.

Por tanto, de acuerdo con un aspecto de la divulgación, se proporciona un método para aumentar la tolerancia al estrés abiótico, la tasa de crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el vigor de una planta. El método se efectúa expresando en la planta un polinucleótido exógeno que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que presenta una homología de al menos 60 % con la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID N°: 201.

La frase “estrés abiótico”, como se usa en el presente documento, se refiere a cualquier efecto adverso sobre el metabolismo, el crecimiento, la reproducción y/o la viabilidad de una planta. Por consiguiente, el estrés abiótico puede inducirse mediante condiciones de crecimiento ambientales subóptimas, tales como, por ejemplo, salinidad,

falta de agua, déficit hídrico, sequía, inundación, congelación, bajas o altas temperaturas (por ejemplo, enfriamiento o calor excesivo), polución química tóxica, toxicidad por metales pesados, anaerobiosis, déficit de nutrientes, exceso de nutrientes, polución atmosférica o radiación UV. Las implicaciones del estrés abiótico se analizan en la sección de Antecedentes.

5 La frase “tolerancia al estrés abiótico” como se usa en el presente documento se refiere a la capacidad de una planta para resistir un estrés abiótico sin sufrir una alteración sustancial en el metabolismo, crecimiento, productividad y/o viabilidad.

10 Como se usa en el presente documento, la frase “biomasa vegetal” se refiere a la cantidad (medida en gramos de tejido secado al aire o seco) de un tejido producido por la planta en una estación de cultivo, que podría también determinar el, o afectar al, rendimiento de la planta o al rendimiento por área de cultivo.

15 Como se usa en el presente documento, la frase “rendimiento de la planta” se refiere a la cantidad (determinada en peso, volumen o tamaño) o a la cantidad (en números) de tejido producido o cosechado por planta o por estación de cultivo. Por tanto, un rendimiento aumentado podría afectar al beneficio económico que podría obtenerse de la planta en una determinada área de cultivo y/o tiempo de cultivo.

20 Como se usa en el presente documento, la frase “vigor de la planta” se refiere a la cantidad (medida en peso) de tejido que produce la planta en un tiempo determinado. Por tanto, el aumento de vigor podría determinar el, o afectar al, rendimiento de la planta o al rendimiento por tiempo de cultivo o área de cultivo.

25 Como se usa en el presente documento el término “aumentar” se refiere a un aumento de al menos aproximadamente 2 %, al menos aproximadamente 3 %, al menos aproximadamente 4 %, al menos aproximadamente 5 %, al menos aproximadamente 10 %, al menos aproximadamente 15 %, al menos aproximadamente 20 %, al menos aproximadamente 30 %, al menos aproximadamente 40 %, al menos aproximadamente 50 %, al menos aproximadamente 60 %, al menos aproximadamente 70 %, al menos aproximadamente 80 % o mayor en la tolerancia al estrés abiótico, en el crecimiento, en la biomasa, en el rendimiento y/o en el vigor de una planta en comparación con una planta nativa [es decir, una planta no modificada con las biomoléculas (polinucleótidos o polipéptidos) de la divulgación, por ejemplo, una planta no transformada de la misma especie que se cultiva en las mismas condiciones de cultivo].

35 Como se usa en el presente documento, la frase “polinucleótido exógeno” se refiere a una secuencia de ácido nucleico heterólogo que no puede expresarse naturalmente en la planta o cuya sobreexpresión se desea en la planta. El polinucleótido exógeno puede introducirse en la planta de una manera estable o transitoria, para producir una molécula de ácido ribonucleico (ARN) y/o una molécula polipeptídica. Debe observarse que el polinucleótido exógeno puede comprender una secuencia de ácido nucleico que es idéntica o parcialmente homóloga a una secuencia de ácido nucleico endógeno de la planta.

40 Como se ha mencionado, el polinucleótido exógeno de la divulgación codifica un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una homología de al menos aproximadamente 65 %, al menos aproximadamente 65 %, al menos aproximadamente 70 %, al menos aproximadamente 75 %, al menos aproximadamente 80 %, al menos aproximadamente 81 %, al menos aproximadamente 82 %, al menos aproximadamente 84 %, al menos aproximadamente 85 %, al menos aproximadamente 86 %, al menos aproximadamente 87 %, al menos aproximadamente 88 %, al menos aproximadamente 89 %, al menos aproximadamente 90 %, al menos aproximadamente 91 %, al menos aproximadamente 92 %, al menos aproximadamente 93 %, al menos aproximadamente 94 %, al menos aproximadamente 95 %, al menos aproximadamente 96 %, al menos aproximadamente 97 %, al menos aproximadamente 98 %, al menos aproximadamente 99 % o más, es decir, del 100 % con la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID N°: 201.

50 La homología (por ejemplo, porcentaje de homología) puede determinarse usando cualquier programa informático de comparación de homología, incluyendo, por ejemplo, el programa informático BlastP o TBLASTN del National Center o Biotechnology Information (NCBI) tal como usando parámetros por defecto, cuando se comienza desde una secuencia polipeptídica; o el algoritmo tBLASTX (disponible en el NCBI) tal como usando parámetros por defecto, que compara los seis productos de traducción conceptuales en fase de una secuencia de búsqueda de nucleótidos (ambas cadenas) frente a una base de datos de secuencias de proteínas.

60 Las secuencias homólogas incluyen secuencias tanto ortólogas como parálogas. El término “parálogo” se refiere a duplicaciones génicas dentro del genoma de una especie que conduce a genes parálogos. El término “ortólogo” se refiere a genes homólogos en diferentes organismos debido a una relación ancestral.

65 Una opción para identificar ortólogos en especies de plantas monocotiledóneas, es realizar una búsqueda blast recíproca. Esto puede realizarse mediante una primera búsqueda blast que implique aplicar el programa blast a la secuencia de interés contra cualquier base de datos de secuencia, tal como la base de datos del NCBI disponible al público que puede encontrarse en el: Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) ncbi (.) nlm (.)

nih (.) gov. Si se buscan ortólogos en arroz, a la secuencia de interés se la podría aplicar el programa blast, por ejemplo, contra los 28.469 clones de ADNc de longitud completa de *Oryza sativa Nipponbare*, disponible en el NCBI. Los resultados del blast pueden filtrarse. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o no filtrados se analizan de nuevo con el programa blast (segundo blast) contra las secuencias del organismo del cual procede la secuencia de interés. Después, los resultados del primer y segundo blast se comparan. Un ortólogo se identifica cuando la secuencia resultante en la puntuación más alta (mayor acierto) en el primer blast identifica en el segundo blast la secuencia de búsqueda (la secuencia original de interés) como el mejor acierto. Usando la misma lógica, se encuentra un parólogo (homólogo a un gen en el mismo organismo). En caso de familias de secuencias grandes, puede usarse del programa ClustalW [Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) ebi (.) ac (.) uk/Tools/clustalw2/index (.) html], seguido de un árbol de unión del vecino más próximo (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://en (.) Wikipedia (.) org/wiki/Neighbor-joining) que ayuda a visualizar la agrupación.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, el polinucleótido exógeno codifica un polipéptido que consiste en la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 201.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación el polinucleótido exógeno comprende una secuencia de ácidos nucleicos que es al menos aproximadamente 60 %, al menos aproximadamente 65 %, al menos aproximadamente 70 %, al menos aproximadamente 75 %, al menos aproximadamente 80 %, al menos aproximadamente 81 %, al menos aproximadamente 82 %, al menos aproximadamente 83 %, al menos aproximadamente 84 %, al menos aproximadamente 85 %, al menos aproximadamente 86 %, al menos aproximadamente 87 %, al menos aproximadamente 88 %, al menos aproximadamente 89 %, al menos aproximadamente 90 %, al menos aproximadamente 91 %, al menos aproximadamente 92 %, al menos aproximadamente 93 %, al menos aproximadamente 93 %, al menos aproximadamente 94 %, al menos aproximadamente 95 %, al menos aproximadamente 96 %, al menos aproximadamente 97 %, al menos aproximadamente 98 %, al menos aproximadamente 99 %, por ejemplo, 100 % idéntica a la secuencia de ácidos nucleicos seleccionada del grupo que consiste en las SEC ID Nos: 1530, 1531.

La identidad (por ejemplo, porcentaje de homología) puede determinarse usando cualquier programa informático de comparación de homología, incluyendo, por ejemplo, el programa informático BlastN del National Center of Biotechnology Information (NCBI) tal como usando parámetros por defecto.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, el polinucleótido exógeno es al menos aproximadamente 60 %, al menos aproximadamente 65 %, al menos aproximadamente 70 %, al menos aproximadamente 75 %, al menos aproximadamente 80 %, al menos aproximadamente 81 %, al menos aproximadamente 82 %, al menos aproximadamente 83 %, al menos aproximadamente 84 %, al menos aproximadamente 85 %, al menos aproximadamente 86 %, al menos aproximadamente 87 %, al menos aproximadamente 88 %, al menos aproximadamente 89 %, al menos aproximadamente 90 %, al menos aproximadamente 91 %, al menos aproximadamente 92 %, al menos aproximadamente 93 %, al menos aproximadamente 94 %, al menos aproximadamente 95 %, al menos aproximadamente 96 %, al menos aproximadamente 97 %, al menos aproximadamente 98 %, al menos aproximadamente 99 %, por ejemplo, 100 %, idéntico al polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en las SEC ID Nos: 1530, 1531.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación el polinucleótido exógeno se expone en las SEC ID Nos: 1530, 1531.

Como se usa en el presente documento el término “polinucleótido” se refiere a una secuencia de ácidos nucleicos mono o bicatenaria que se aísla y se proporciona en forma de una secuencia de ARN, una secuencia de polinucleótidos complementaria (ADNc), una secuencia de polinucleótidos genómica y/o secuencias de polinucleótidos compuestas (por ejemplo, una combinación de las anteriores).

Como se usa en el presente documento, la frase “secuencia de polinucleótidos complementaria” se refiere a una secuencia, que es el resultado de la transcripción inversa de ARN mensajero usando una transcriptasa inversa o cualquier otra ADN polimerasa dependiente de ARN. Dicha secuencia puede amplificarse posteriormente *in vivo* o *in vitro* usando una ADN polimerasa dependiente de ADN.

Como se usa en el presente documento, la frase “secuencia de polinucleótidos genómica” se refiere a una secuencia (identificada o aislada) que procede de un cromosoma y por tanto representa una parte contigua de un cromosoma.

Como se usa en el presente documento la frase “secuencia de polinucleótidos compuesta” se refiere a una secuencia, que es al menos parcialmente complementaria y al menos parcialmente genómica. Una secuencia compuesta puede incluir algunas secuencias exónicas necesarias para codificar el polipéptido de la presente invención, así como algunas secuencias intrónicas interpuestas entre las mismas. Las secuencias intrónicas pueden ser de cualquier fuente, incluyendo de otros genes, y típicamente incluirán secuencias señalizadoras de corte y empalme conservadas. Dichas secuencias intrónicas pueden incluir adicionalmente elementos reguladores de expresión que actúan en cis.

La expresión de las secuencias de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos de la presente invención puede optimizarse. Un ejemplo no limitante de una secuencia de ácidos nucleicos optimizada se proporciona en la SEC ID N°: 1531, que codifica el polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 201. Los ejemplos de dichas modificaciones de secuencia incluyen, pero sin limitación, un contenido de G/C alterado para una estrategia más estrecha que la típicamente encontrada en especies de plantas de interés y la retirada de codones atípicamente encontrada en las especies de plantas normalmente se denomina optimización de codones.

La frase "optimización de codones" se refiere a la selección de nucleótidos de ADN apropiados para su uso dentro de un gen estructural o fragmento del mismo que aborda el uso de codones dentro de la planta de interés. Por lo tanto, un gen optimizado o una secuencia de ácidos nucleicos optimizada se refieren a un gen en el que la secuencia de nucleótidos de un gen nativo o de origen natural se ha modificado para utilizar codones estadísticamente favorecidos o estadísticamente preferidos en la planta. Típicamente, la secuencia de nucleótidos se examina al nivel de ADN y la región codificante se optimiza para la expresión en la especie vegetal determinada usando cualquier procedimiento adecuado, por ejemplo, como describen Sardana et al. (1996, Plant Cell Reports 15: 677-681). En este método, la desviación típica del uso de codones, una medida del sesgo del uso de codones, puede calcularse para hallar primero la desviación cuadrática proporcional del uso de cada codón del gen nativo con respecto a la de genes de plantas altamente expresados, seguido de un cálculo de la desviación cuadrática media. La fórmula usada es: $1 \text{ SDCU} = n = 1/N [(X_n - Y_n) / Y_n]^2 / N$, en la que X_n se refiere a la frecuencia de uso de n codones en genes de plantas altamente expresados, en la que Y_n es la frecuencia de uso de n codones en el gen de interés y N se refiere al número total de codones en el gen de interés. Usando los datos de Murray et al. (1989, Nuc Acids Res. 17: 477-498), se recopila una Tabla del uso de codones de genes altamente expresados de plantas dicotiledóneas.

Un método para optimizar la secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con el uso de codones preferidos para un tipo de célula de planta particular, se basa en el uso directo, sin realizar ningún cálculo estadístico extra, de Tablas de optimización de codones, tales como las proporcionadas on-line en la Base de Datos de Uso de Codones a través del banco de ADN del NIAS (National Institute of Agrobiological Sciences) en Japón (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.kazusa.) o (.jp/codon/)). La base de datos de uso de codones contiene Tablas de uso de codones para diversas especies diferentes, habiéndose determinado estadísticamente cada Tabla de uso de codones basándose en los datos presentes en el Genbank.

Usando las Tablas anteriores para determinar los codones más preferidos o más favorecidos para cada aminoácido en una especie particular (por ejemplo, arroz), una secuencia de nucleótidos de origen natural que codifica una proteína de interés puede optimizarse por codones para esa especie de planta particular. Esto se efectúa reemplazando codones que puedan tener una frecuencia estadísticamente baja en el genoma de la especie en particular por codones correspondientes, en lo que respecta a un aminoácido, que están estadísticamente más favorecidos. Sin embargo, puede seleccionarse uno o más codones menos favorecidos para delecionar sitios de restricción existentes, para crear nuevos sitios en uniones posiblemente útiles (extremos 5' y 3' para añadir un péptido de señal o casetes de terminación, sitios internos que podrían usarse para cortar y cortar y empalmar segmentos entre sí para producir una secuencia de longitud completa correcta) o para eliminar secuencias de nucleótidos que pueden afectar negativamente a la estabilidad o expresión del ARNm.

La secuencia de nucleótidos codificada de origen natural puede, ya con antelación a cualquier modificación, contener diversos codones que corresponden a un codón estadísticamente favorecido en una especie de planta particular. Por lo tanto, la optimización por codones de la secuencia de nucleótidos nativa puede comprender determinar qué codones, dentro de la secuencia de nucleótidos nativa, no están estadísticamente favorecidos con respecto a una planta particular, y modificar estos codones de acuerdo con la tabla de uso de codones de la planta particular para producir un derivado optimizado por codones. Una secuencia de nucleótidos modificada puede optimizarse completa o parcialmente para el uso de codones de plantas siempre que la proteína codificada por la secuencia de nucleótidos modificada se produzca a un nivel más alto que el de la proteína codificada por el gen nativo o de origen natural correspondiente. La construcción de genes sintéticos alterando el uso de codones se describe, por ejemplo, en la Solicitud de Patente PCT 93/07278.

Por lo tanto, la divulgación, incluye secuencias de ácidos nucleicos descritas anteriormente en el presente documento; fragmentos de las mismas, secuencias que pueden hibridarse con estas, secuencias homólogas a estas, secuencias que codifican polipéptidos similares con diferente uso de codones, secuencias alteradas caracterizadas por mutaciones, tales como delección, inserción o sustitución de uno o más nucleótidos, bien de origen natural o inducidas por el hombre, bien al azar o de un modo dirigido.

La divulgación proporciona un polipéptido aislado que tiene una secuencia de aminoácidos con una homología de al menos aproximadamente 60 %, al menos aproximadamente 65 %, al menos aproximadamente 70 %, al menos aproximadamente 75 %, al menos aproximadamente 80 %, al menos aproximadamente 81 %, al menos aproximadamente 82 %, al menos aproximadamente 83 %, al menos aproximadamente 84 %, al menos aproximadamente 85 %, al menos aproximadamente 86 %, al menos aproximadamente 87 %, al menos aproximadamente 88 %, al menos aproximadamente 89 %, al menos aproximadamente 90 %, al menos aproximadamente 91 %, al menos aproximadamente 92 %, al menos aproximadamente 93 %, al menos

aproximadamente 94 %, al menos aproximadamente 95 %, al menos aproximadamente 96 %, al menos aproximadamente 97 %, al menos aproximadamente 98 %, al menos aproximadamente 99 %, o más, por ejemplo, del 100 % con una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID N°: 201.

5 De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, el polipéptido se expone en la SEC ID N°: 201.

La invención también incluye fragmentos de los polipéptidos descritos anteriormente y polipéptidos que tienen mutaciones, tales como deleciones, inserciones o sustituciones de uno o más aminoácidos, bien de origen natural o inducidas por el hombre, bien al azar o de un modo dirigido.

10 El término “planta”, como se usa en el presente documento, incluye plantas enteras, ancestros y progenie de las plantas y partes de la planta, incluyendo semillas, brotes, tallos, raíces (incluyendo tubérculos) y células, tejidos y órganos de la planta. La planta puede tener cualquier forma, incluyendo cultivos en suspensión, embriones, regiones meristemáticas, tejido de callos, hojas, gametocitos, esporofitos, polen y microesporas. Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la divulgación incluyen todas las plantas que pertenecen a la súper familia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas que incluyen leguminosas de pasto o forraje, plantas ornamentales, cultivos alimenticios, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acacia spp.*, *Acer spp.*, *Actinidia spp.*, *Aesculus spp.*, *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon spp.*, *Arachis spp.*, *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula spp.*, *Brassica spp.*, *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra spp.*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum spp.*, *Cassia spp.*, *Centroema pubescens*, *Chacomeles spp.*, *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronilla varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus spp.*, *Cucumis spp.*, *Cupressus spp.*, *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon spp.*, *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium spp.*, *Dicksonia squarosa*, *Dibeteropogon amplexans*, *Dioclea spp.*, *Dolichos spp.*, *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehrafia spp.*, *Eleusine coracana*, *Eragrostis spp.*, *Erythrina spp.*, *Eucalyptus spp.*, *Euclea schimperi*, *Eulalia villosa*, *Pagopyrum spp.*, *Feijoa sellowiana*, *Fragaria spp.*, *Flemingia spp.*, *Freycinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *GinAgo biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia spp.*, *Gossypium hirsutum*, *Grevillea spp.*, *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum spp.*, *Hemaphysa altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hypochaeris dissoluta*, *Indigo incarnata*, *Iris spp.*, *Leptarrhena pyrolifolia*, *Lepediza spp.*, *Lettuca spp.*, *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus spp.*, *Macrotyloma axillare*, *Malus spp.*, *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotiana spp.*, *Onobrychis spp.*, *Ornithopus spp.*, *Oryza spp.*, *Peltophorum africanum*, *Pennisetum spp.*, *Persea gratissima*, *Petunia spp.*, *Phaseolus spp.*, *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia spp.*, *Picea glauca*, *Pinus spp.*, *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthria fleckii*, *Pogonarthria squarrosa*, *Populus spp.*, *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus spp.*, *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes spp.*, *Robinia pseudoacacia*, *Rosa spp.*, *Rubus spp.*, *Salix spp.*, *Schizachyrium sanguineum*, *Sciadopitys verticillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorghum bicolor*, *Spinacia spp.*, *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthes humilis*, *Tadehagi spp.*, *Taxodium distichum*, *Themeda triandra*, *Trifolium spp.*, *Triticum spp.*, *Tsuga heterophylla*, *Vaccinium spp.*, *Vicia spp.*, *Vitis vinifera*, *Watsonia pyramidata*, *Zantedeschia aethiopica*, *Zea mays*, amaranto, alcachofa, espárrago, brócoli, coles de Bruselas, repollo, colza, zanahoria, coliflor, apio, berza, lino, col rizada, lenteja, cánola, quimbombó, cebolla, patata, arroz, soja, paja, remolacha, caña de azúcar, girasol, tomate, calabaza, maíz, trigo, cebada, centeno, avena, cacahuete, guisante pinto, lenteja y alfalfa, algodón, soja, canola, pimiento, girasol, tabaco, berenjena, eucalipto, un árbol, una planta ornamental, una herbácea perenne y un cultivo forrajero. Como alternativa, en los métodos de la presente divulgación pueden usarse algas y otras plantas que no sean de la superfamilia *Viridiplantae*.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, las plantas usadas en el método de la invención son: una planta de cultivo, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, cacahuete, patata, sésamo, olivo, aceite de palma, banana, soja, girasol, canola, caña de azúcar, alfalfa, mijo, leguminosas (judía, guisante pinto), lino, altramuz, colza, tabaco, álamo y algodón.

La expresión del polinucleótido exógeno de la divulgación en la planta puede efectuarse transformando una o más células de la planta con el polinucleótido exógeno, seguido de la generación de una planta madura de las células transformadas y del cultivo de la planta madura en condiciones adecuadas para la expresión del polinucleótido exógeno en la planta madura.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, la transformación se efectúa introduciendo en la célula de la planta una construcción de ácido nucleico que incluye el polinucleótido exógeno de algunas realizaciones de la divulgación y al menos un promotor capaz de dirigir la transcripción del polinucleótido exógeno en la célula de la planta. A continuación, más adelante, se proporcionan detalles de estrategias de transformación adecuadas.

Como se usa en el presente documento, el término “promotor” se refiere a una región de ADN que se encuentra aguas arriba del sitio de inicio transcripcional de un gen al cual se une la ARN polimerasa para iniciar la transcripción del ARN. El promotor controla dónde (por ejemplo, en que parte de una planta) y/o cuándo (por ejemplo, en qué fase o estado de la vida de un organismo) se expresa el gen.

Puede usarse cualquier secuencia promotora adecuada para la construcción del ácido nucleico de la presente divulgación. De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, el promotor es un promotor constitutivo, un promotor específico de tejido, o un promotor inducible por estrés abiótico.

Los promotores constitutivos adecuados incluyen, por ejemplo, el promotor 35S del CaMV (SEC ID N°: 1546; Odell et al., Nature 313:810-812, 1985); el promotor At6669 de *Arabidopsis* (SEC ID N°: 1652; véase la Publicación PCT N° WO04081173A2); Ubi 1 de maíz (Christensen et al., Plant Sol. Biol. 18: 675-689, 1992); actina de arroz (McElroy et al., Plant Cell 2: 163-171, 1990); pEMU (Last et al., Theor. Appl. Genet. 81: 581-588, 1991); 19S del CaMV (Nilsson et al., Physiol. Plant 100: 456-462, 1997); GOS2 (de Pater et al., Plant J Nov; 2(6): 837-44, 1992); ubiquitina (Christensen et al., Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992); ciclofilina de arroz (Buchholz et al., Plant Mol Biol. 25(5):837-43, 1994); histona H3 de maíz (Lepetit et al., Mol. Gen. Genet. 231: 276-285, 1992); Actina 2 (An et al., Plant J. 10(1): 107-121, 1996), el promotor constitutivo CT2 de la punta de las raíces (SEC ID N°: 1535; véase también la Solicitud PCT N° IL/2005/000627) y Súper MAS Sintético (Ni et al., The Plant Journal 7: 661-76, 1995). Otros promotores constitutivos incluyen los indicados en las Patentes de Estados Unidos Nos 5.659.026, 5.608.149; 5.608.144; 5.604.121; 5.569.597; 5.466.785; 5.399.680; 5.268.463; y 5.608.142.

Los promotores específicos de tejido adecuados incluyen, pero sin limitación, los promotores específicos de hoja [tales como los descritos, por ejemplo, por Yamamoto et al., Plant J. 12: 255-265, 1997; Kwon et al., Plant Physiol. 105: 357-67, 1994; Yamamoto et al., Plant Cell Physiol. 35: 773-778, 1994; Gotor et al., Plant J. 3: 509-18, 1993; Orozco et al., Plant Mol. Biol. 23: 1129-1138, 1993; y Matsuoka et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90: 9586-9590, 1993], promotores preferidos de semilla [por ejemplo, de genes específicos de semilla (Simon, et al., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985; Scofield, et al., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987; Baszczynski, et al., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990), albúmina de nuez de Brasil (Pearson et al., Plant Mol. Biol. 18: 235- 245, 1992), legumina (Ellis, et al. Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988), Glutelina (arroz) (Takaiwa, et al., Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986; Takaiwa, et al., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987), Zeína (Matzke et al., Plant Mol Biol, 143):323-32 1990), napA (Stalberg, et al., Planta 199: 515-519, 1996), SPA de Trigo (Albanietal, Plant Cell, 9: 171- 184, 1997), oleosina de girasol (Cummins, et al., Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992)], promotores específicos de endospermo [por ejemplo, glutelina-1 de trigo de BPM y APM (Mol Gen Genet 216: 81-90, 1989; NAR 17:461-2), gliadinas a, b y g de trigo (EMBO3: 1409-15, 1984), promotor ltrl de cebada, hordeina B1, C, D de cebada (Theor Appl Gen 98: 1253-62, 1999; Plant J 4: 343-55, 1993; Mol Gen Genet 250: 750- 60, 1996), DOF de Cebada (Mena et al., The Plant Journal, 116(1): 53- 62, 1998), Biz2 (EP99106056.7), promotor sintético (Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629-640, 1998), prolamina NRP33 de arroz, globulina Glb-1 de arroz (Wu et al., Plant Cell Physiology 39(8) 885- 889, 1998), alfa-globulina de arroz REB/OHP-1 (Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513-S22,1997), ADP-glucosa PP de arroz (Trans Res 6: 157-68, 1997), familia de genes ESR de maíz (Plant J 12: 235-46, 1997), gamma-kafirina de sorgo (PMB 32: 1029-35, 1996)], promotores específicos de embrión [por ejemplo, OSH1 de arroz (Sato et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122), KNOX (Postma-Haarsma et al, Plant Mol. Biol. 39: 257-71, 1999), oleosina de arroz (Wu et al, J. Biochem., 123: 386, 1998)], y promotores específicos de flor [por ejemplo, AtPRP4, caleno sintasa (chsA) (Van der Meer, et al., Plant Mol. Biol. 15, 95-109, 1990), LAT52 (Twell et al., Mol. Gen Genet. 217: 240-245; 1989), apétala-3].

Los promotores inducibles por estrés abiótico adecuados incluyen, pero sin limitación, promotores inducibles por sal, tales como RD29A (Yamaguchi-Shinozalei et al., Mol. Gen. Genet. 236: 331-340, 1993); promotores inducibles por sequía, tal como el promotor del gen rab17 de maíz (Pla et. al., Plant Mol. Biol. 21: 259-266, 1993), el promotor del gen rab28 de maíz (Busk et. al., Plant J. 11: 1285-1295, 1997) y el promotor del gen lvr2 de maíz (Pelleschi et. al., Plant Mol. Biol. 39: 373-380, 1999); promotores inducibles por calor tal como el promotor hsp80 inducible por calor del tomate (Patente de Estados Unidos N° 5.187.267).

La construcción de ácido nucleico de algunas realizaciones de la divulgación puede incluir adicionalmente un marcador de selección y/o un origen de replicación apropiados. De acuerdo con algunas realizaciones de la invención, la construcción de ácido nucleico utilizada es un vector lanzadera, que puede propagarse tanto en *E. coli* (donde la construcción comprende un marcador de selección y un origen de replicación apropiados) como ser compatible con la propagación en células. La construcción de acuerdo con la presente divulgación puede ser, por ejemplo, un plásmido, un bácmido, un fagémido, un cósmido, un fago, un virus o un cromosoma artificial.

La construcción de ácido nucleico de algunas realizaciones de la divulgación puede utilizarse para transformar de manera estable o transitoria células de plantas. En la transformación estable, el polinucleótido exógeno se integra en el genoma de la planta y como tal esto representa un rasgo estable y heredado. En la transformación transitoria, la célula transformada expresa el polinucleótido exógeno pero no está integrado en el genoma y como tal esto representa un rasgo transitorio.

Existen diversos métodos para introducir genes ajenos en plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas (Potrykus, I., Annu. Rev. Plant. Physiol., Plant. Mol. Biol. (1991) 42: 205-225; Shimamoto et al., Nature (1989) 338: 274-276).

Los métodos principales para efectuar la integración estable de ADN exógeno en ADN genómico de plantas incluyen dos estrategias principales:

(i) transferencia de genes mediada por *Agrobacterium*: (1987) Annu. Rev. Plant Physiol. 38:467-486; Klee y Rogers en Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants, Vol. 6, Molecular Biology of Plant Nuclear Genes, eds. Schell, J., y Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) págs. 2-25; Gatenby, en Plant Biotechnology, eds Kung, S. y Arntzen, C. J., Butterworth Publishers, Boston, Mass. (1989) págs. 93-112.

(ii) captación directa de ADN: Paszkowski et al., in Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants, Vol. 6, Molecular Biology of Plant Nuclear Genes eds. Schell, J., y Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) págs. 52-68; incluyendo métodos de captación directa de ADN en protoplastos, Toriyama, K. et al. (1988) Bio/Technology 6: 1072-1074. Captación de ADN inducida por electrochoque breve de células de planta: Zhang et al. Plant Cell Rep. (1988) 7: 379-384. Fromm et al. Nature (1986) 319: 791-793. Inyección de ADN en células o tejidos de plantas mediante bombardeo con partículas, Klein et al. Bio/Technology (1988) 6: 559-563; McCabe et al. Bio/Technology (1988) 6: 923-926; Sanford, Physiol. Plant. (1990) 79: 206-209; mediante el uso de sistemas con micropipeta: Neuhaus et al., Theor. Appl. Genet. (1987) 75:3 0-36; Neuhaus y Spangenberg, Physiol. Plant. (1990) 79: 213-217; transformación con whiskers de carburo de silicio o fibra de vidrio de cultivos de células, de tejidos de embriones o de callos, Patente de Estados Unidos N° 5.464.765 o por incubación directa de ADN con polen en germinación, DeWet et al. en Experimental Manipulation of Ovule Tissue, eds. Chapman, G. P. y Mantell, S. H. y Daniels, W. Longman, Londres, (1985) págs. 197-209; y Ohta, Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1986) 83: 715-719.

El sistema *Agrobacterium* incluye el uso de vectores plasmídicos que contienen segmentos de ADN definidos que están integrados en el ADN genómico de la planta. Los métodos de inoculación del tejido de la planta varían dependiendo de la especie de la planta y del sistema de suministro de *Agrobacterium*. Una estrategia muy usada es el procedimiento con disco foliar que puede realizarse con cualquier explante tisular que proporcione una buena fuente para iniciar la diferenciación de toda la planta. Véase, por ejemplo, Horsch et al. en Plant Molecular Biology Manual A5, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (1988) págs. 1-9. Una estrategia complementaria emplea el sistema de suministro de *Agrobacterium* en combinación con infiltración al vacío. El sistema de *Agrobacterium* es especialmente viable en la creación de planta dicotiledóneas transgénicas.

Existen diversos métodos de transferencia directa de ADN en las células de las plantas. En la electroporación, los protoplastos se exponen brevemente a un fuerte campo eléctrico. En la microinyección, el ADN se inyecta mecánicamente directamente en las células usando micropipetas muy pequeñas. En el bombardeo con micropartículas, el ADN se adsorbe en microproyectiles, tales como cristales de sulfato de manganeso o partículas de tungsteno, y los microproyectiles se aceleran físicamente en las células o tejidos de la planta.

Después de la transformación estable se realiza la propagación de la planta. El método más habitual para realizar la propagación de la planta es por semillas. Sin embargo, la regeneración mediante propagación por semillas, tiene el defecto de que, debido a la heterocigosidad, hay una ausencia de uniformidad en el cultivo, dado que las semillas se producen por plantas según variaciones genéticas regidas por las leyes de Mendel. Básicamente, cada semilla es genéticamente diferente y cada una de ellas crecerá con sus propios rasgos específicos. Por lo tanto, se prefiere que la planta transformada se produzca de tal manera que la planta regenerada tenga los mismos rasgos y características que los de la planta transgénica parental. Por esta razón se prefiere que la planta transformada se regenere mediante micropropagación lo que proporciona una reproducción uniforme y rápida de las plantas transformadas.

La micropropagación es un proceso de cultivo de nuevas generaciones de plantas a partir de un solo trozo de tejido que se ha extraído de una planta o variedad de cultivo parental seleccionada. Este proceso permite la reproducción masiva de las plantas que tienen el tejido preferido que expresa la proteína de fusión. Las plantas de nueva generación que se producen son genéticamente idénticas a, y tienen todas las características de, la planta original. La micropropagación permite la producción masiva de material vegetal de calidad en un corto periodo de tiempo y ofrece una rápida multiplicación de las variedades de cultivo seleccionadas en la conservación de las características de la planta transformada o transgénica original. Las ventajas de la clonación de plantas son la velocidad de la multiplicación de la planta y la calidad y uniformidad de las plantas producidas.

La micropropagación es un procedimiento de fases múltiples que requiere la alteración del medio de cultivo o de las condiciones de cultivo entre las fases. Por tanto, el proceso de micropropagación implica cuatro fases básicas: fase una, cultivo tisular inicial; fase dos, multiplicación del cultivo tisular; fase tres, diferenciación y formación de la planta; y fase cuatro, cultivo y fortalecimiento en invernadero. Durante la fase uno de cultivo tisular inicial, el cultivo tisular se establece y se verifica que está libre de contaminantes. Durante la fase dos, el cultivo tisular inicial se multiplica hasta producir un número suficiente de muestras tisulares para alcanzar los objetivos de producción. Durante la fase tres, las muestras tisulares cultivadas en la fase dos se dividen y se desarrollan en plántulas individuales. En la fase cuatro, las plántulas transformadas se transfieren a un invernadero para fortalecerse, donde la tolerancia de las plantas a la luz se aumenta gradualmente de tal manera que puedan crecer en un entorno natural.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, las plantas transgénicas se generan por transformación transitoria de células foliares, células meristemáticas o de toda la planta.

La transformación transitoria puede efectuarse mediante cualquiera de los métodos de transferencia directa de ADN descritos anteriormente o mediante infección viral usando virus de plantas modificados.

Los virus que se ha demostrado que son útiles para la transformación de huéspedes de plantas incluyen CaMV, virus del mosaico del Tabaco (TMV), virus del mosaico del bromo (BMV) y Virus del Mosaico Común de la Judía (BV o BCMV). La transformación de plantas usando virus de plantas se describe en la Patente de Estados Unidos N° 4.855.237 (virus del mosaico amarillo de la judía; BGV), EP-A 67.553 (TMV), Solicitud Publicada Japonesa N° 63-14693 (TMV), EPA 194.809 (BV), EPA 278.667 (BV); y Gluzman, Y. et al., *Communications in Molecular Biology: Viral Vectors*, Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York, págs. 172-189 (1988). En el documento WO 87/06261 se describen partículas de *Pseudovirus* para su uso en la expresión de ADN exógeno en muchos hospedadores, incluyendo plantas.

De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, el virus usado para las transformaciones transitorias es un virus avirulento y por tanto incapaz de causar graves síntomas tales como tasa de crecimiento reducida, mosaico, manchas anulares, enrollamiento foliar, amarillamiento, formación de vetas, formación de pústulas, formación de tumores y picaduras. Un virus avirulento adecuado puede ser un virus avirulento de origen natural o un virus artificialmente atenuado. La atenuación de virus puede efectuarse usando métodos bien conocidos en la técnica incluyendo, pero sin imitación, calentamiento subletal, tratamiento químico o mediante técnicas de mutagénesis dirigida, como las descritas, por ejemplo, por Kurihara y Watanabe (*Molecular Plant Pathology* 4: 259-269, 2003), Galon et al. (1992), Atreya et al. (1992) y Huet et al. (1994).

Pueden obtenerse cepas de virus adecuadas procedentes de fuentes disponibles tales como, por ejemplo, la Colección Americana de Cultivos Tipo (ATCC) o por aislamiento de plantas infectadas. El aislamiento de virus de tejidos de plantas infectadas puede efectuarse por técnicas bien conocidas en la materia, tales como las descritas, por ejemplo, por Foster y Tatlor, Eds. "Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Humana Press, 1998. En resumen, los tejidos de una planta infectada, que se piensa que contiene una alta concentración de un virus adecuado, preferentemente hojas y pétalos de flores jóvenes, se cultivan en una solución tampón (por ejemplo, solución de tampón fosfato) para producir una savia infectada con virus que puede usarse en inoculaciones posteriores.

La construcción de virus de ARN de plantas para la introducción y expresión de secuencias de polinucleótidos exógenos no virales en plantas, se demuestra en las referencias anteriores, así como en Dawson, W. O. et al., *Virology* (1989) 172: 285-292; Takamatsu et al. *EMBO J.* (1987) 6:307-311; French et al. *Science* (1986) 231:1294-1297; Takamatsu et al. *FEBS Letters* (1990) 269:73-76; y en Patente de Estados Unidos N° 5.316.931.

Cuando el virus es un virus de ADN, pueden realizarse modificaciones adecuadas en el propio virus. Como alternativa, el virus puede clonarse primero en un plásmido bacteriano para facilitar la construcción del vector viral deseado con el ADN exógeno. Después, el virus puede extraerse del plásmido. Si el virus es un virus de ADN, al ADN viral puede unirse un origen de replicación bacteriano, que después replica la bacteria. La transcripción y traducción de este ADN producirá la proteína de recubrimiento que encapsidará el ADN viral. Si el virus es un virus de ARN, el virus se clona generalmente como un ADNc y se inserta en un plásmido. Después, el plásmido se usa para fabricar todas las construcciones. El virus de ARN se produce después transcribiendo la secuencia viral del plásmido y traduciendo los genes virales para producir una o más proteínas de recubrimiento que encapsidan el ARN viral.

En una realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta en el que se ha insertado la secuencia codificante de la proteína de recubrimiento nativa que se ha delecionado de un polinucleótido viral, una secuencia codificante de la proteína de recubrimiento viral de una planta no nativa y un promotor no nativo, preferentemente el promotor subgenómico de la secuencia codificante de la proteína de recubrimiento no nativa, capaz de expresión en la planta hospedadora, empaquetar el polinucleótido viral de la planta recombinante y garantizar una infección sistémica del hospedador mediante el polinucleótido viral de la planta recombinante. Como alternativa, el gen de la proteína de recubrimiento puede inactivarse por inserción de la secuencia de polinucleótidos no nativa en su interior, de tal manera que se produce una proteína. El polinucleótido viral de la planta recombinante puede contener uno o más promotores subgenómicos no nativos adicionales. Cada promotor subgenómico no nativo puede transcribir o expresar genes adyacentes o secuencias de polinucleótidos en la planta hospedadora y no puede recombinarse entre sí ni con promotores subgenómicos nativos. Las secuencias de polinucleótidos (exógenas) no nativas pueden insertarse adyacentes al promotor subgenómico viral de la planta nativa o a los promotores subgenómicos virales de la planta nativa y no nativa si se incluye más de una secuencia de polinucleótidos. Las secuencias de polinucleótidos no nativas se transcriben o expresan en la planta hospedadora bajo el control del promotor subgenómico para producir los productos deseados.

En una segunda realización, al igual que en la primera realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta recombinante, salvo que la secuencia codificante de la proteína de recubrimiento nativa se coloca adyacente a uno de los promotores subgenómicos de la proteína de recubrimiento no nativa en lugar de a una secuencia codificante de la proteína de recubrimiento no nativa.

En una tercera realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta recombinante en el que el gen de la proteína de recubrimiento nativa es adyacente a su promotor subgenómico y uno o más promotores subgenómicos no nativos se han insertado en el polinucleótido viral. Los promotores subgenómicos no nativos insertados pueden transcribir o expresar genes adyacentes en una planta hospedadora y no pueden recombinarse entre sí ni con promotores subgenómicos nativos. Las secuencias de polinucleótidos no nativas pueden insertarse adyacentes a los promotores virales de plantas subgenómicos no nativos de tal manera que las secuencias se transcriben o expresan en la planta hospedadora bajo el control de los promotores subgenómicos para producir el producto deseado.

En una cuarta realización, al igual que en la tercera realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta recombinante, salvo que la secuencia codificante de la proteína de recubrimiento nativa se reemplaza por una secuencia codificante de la proteína de recubrimiento no nativa.

Los vectores virales están encapsidados por las proteínas de recubrimiento codificadas por el polinucleótido viral de la planta recombinante para producir un virus de planta recombinante. El polinucleótido viral de planta recombinante o virus de planta recombinante se usa para infectar plantas hospedadoras apropiadas. El polinucleótido viral de planta recombinante puede replicarse en el hospedador, propagarse sistémicamente en el hospedador y transcribir o expresar uno o más genes ajenos (polinucleótido exógeno) en el hospedador para producir la proteína deseada.

En Foster y Taylor, eds. "Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Humana Press, 1998; Maramorosh y Koprowski, eds. "Methods in Virology" 7 vols, Academic Press, Nueva York 1967-1984; Hill, S.A. "Methods in Plant Virology", Blackwell, Oxford, 1984; Walkey, D.G.A. "Applied Plant Virology", Wiley, Nueva York, 1985; y Kado y Agrawa, eds. "Principles and Techniques in Plant Virology", Van Nostrand-Reinhold, Nueva York pueden encontrarse técnicas para la inoculación de virus en plantas.

Además de lo anterior, el polinucleótido de la presente invención también puede introducirse en un genoma de cloroplasto mediante lo cual se facilita la expresión del cloroplasto.

Se conoce una técnica para introducir secuencias de polinucleótidos exógenas en el genoma de los cloroplastos. Esta técnica implica los siguientes procedimientos. En primer lugar, las células de la planta se tratan químicamente para reducir el número de cloroplastos por célula a aproximadamente uno. Después, se introduce el polinucleótido exógeno mediante bombardeo de partículas en las células con el objetivo de introducir al menos una molécula de polinucleótido exógeno en el cloroplasto. El polinucleótido exógeno se selecciona de tal manera que sea integrable en el genoma del cloroplasto mediante recombinación homóloga fácilmente efectuada por enzimas intrínsecas al cloroplasto. Para esta finalidad, el polinucleótido exógeno incluye, además de un gen de interés, al menos un tramo polinucleotídico que procede del genoma del cloroplasto. Además, el polinucleótido exógeno incluye un marcador de selección, que desempeña procedimientos de selección secuenciales para confirmar que todas, o sustancialmente todas, las copias de los genomas del cloroplasto, después de dicha selección, incluirán el polinucleótido exógeno. Detalles adicionales con respecto a esta técnica se encuentran en las Patentes de Estados Unidos Nos 4.945.050; y 5.693.507. Un polipéptido puede por tanto producirse por el sistema de expresión de proteínas del cloroplasto y llegar a integrarse en la membrana interna del cloroplasto.

Dado que la tolerancia al estrés abiótico, el crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el vigor en las plantas puede implicar la acción de genes múltiples de manera aditiva o en sinergia (véase, por ejemplo, Qesda et al., Plant Physiol. 130: 951-063, 2002), la presente divulgación también contempla expresar una pluralidad de polinucleótidos exógenos en una sola planta hospedadora para así obtener un efecto superior sobre la tolerancia al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor.

La expresión de una pluralidad de polinucleótidos exógenos en una sola planta hospedadora puede efectuarse co-introduciendo construcciones de ácido nucleico múltiples, incluyendo cada una de ellas, un polinucleótido exógeno diferente, en una sola célula de planta. La célula transformada puede después regenerarse en una planta madura usando los métodos descritos anteriormente en el presente documento.

Como alternativa, la expresión de una pluralidad de polinucleótidos exógenos en una sola planta hospedadora puede efectuarse co-introduciendo en una sola célula de planta una sola construcción de ácido nucleico que incluya una pluralidad de polinucleótidos exógenos diferentes. Dicha construcción puede diseñarse con una sola secuencia promotora que puede transcribir un ARN mensajero policistrónico incluyendo todas las diferentes secuencias de polinucleótidos exógenos diferentes. Para permitir la co-traducción de los diferentes polipéptidos codificados por el ARN mensajero policistrónico, las secuencias de polinucleótidos pueden interconexionarse mediante una secuencia de sitio interno de entrada al ribosoma (IRES) que facilita la traducción de las secuencias de polinucleótidos ubicadas aguas abajo de la secuencia IRES. En este caso, una molécula de ARN policistrónico transcrito que codifica los diferentes polipéptidos descritos anteriormente se traducirá desde el extremo 5' protegido y las dos secuencias IRES internas de la molécula de ARN policistrónico para producir de este modo en la célula todos los polipéptidos diferentes. Como alternativa, la construcción puede incluir diversas secuencias promotoras, cada una de ellas unida a una secuencia de polinucleótidos diferente.

La célula de la planta transformada con la construcción incluyendo una pluralidad de polinucleótidos exógenos diferentes puede regenerarse en una planta madura, usando los métodos descritos anteriormente en el presente documento.

5 Como alternativa, la expresión de una pluralidad de polinucleótidos exógenos puede efectuarse introduciendo diferentes construcciones de ácido nucleico, incluyendo polinucleótidos exógenos diferentes, en una pluralidad de plantas. Después, las plantas transformadas regeneradas pueden cruzarse y la progenie resultante puede seleccionarse con respecto a rasgos superiores de tolerancia al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor, usando técnicas convencionales de cultivo de plantas.

10 De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, la planta que expresa el polinucleótido (o polinucleótidos) exógeno se cultiva en condiciones normales.

15 De acuerdo con algunas realizaciones de la divulgación, el método comprende adicionalmente cultivar la planta que expresa el polinucleótido (o polinucleótidos) exógeno con estrés abiótico.

20 Por tanto, la invención incluye plantas que expresan exógenamente (como se ha descrito anteriormente), el polinucleótido (o polinucleótidos) y/o el polipéptido (o polipéptidos) de la invención. Una vez expresado en la célula de la planta o en toda la planta, el nivel del polipéptido codificado por el polinucleótido exógeno puede determinarse mediante métodos bien conocidos en la técnica tales como, ensayos de actividad, transferencias de Western usando anticuerpos capaces de unirse específicamente al polipéptido, Ensayo Inmunoabsorbente Ligado a Enzimas (ELISA), radioinmunoensayos (RIA), inmunohistoquímica, inmunocitoquímica, inmunofluorescencia y similares.

25 Los métodos para determinar en la planta el nivel de ARN transcrito del polinucleótido exógeno son bien conocidos en la técnica e incluyen, por ejemplo, análisis de transferencia de Northern, análisis de reacción en cadena de polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) (incluyendo RT-PCR cuantitativa, semi-cuantitativa o en tiempo real) e hibridación de ARN *in situ*.

30 Los polinucleótidos y polipéptidos descritos anteriormente en el presente documento pueden usarse en una amplia serie de plantas económicas, de manera inocua y rentable.

En efecto del transgén (el polinucleótido exógeno que codifica el polipéptido) sobre la tolerancia al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor puede determinarse usando métodos conocidos.

35 *Tolerancia al estrés abiótico* - Plantas transformadas (es decir, que expresan el transgén) y no transformadas (de tipo natural) se exponen a una condición de estrés abiótico, tal como falta de agua, temperatura subóptima (baja temperatura, alta temperatura), déficit de nutrientes, exceso de nutrientes, a una condición de estrés salino, estrés osmótico, toxicidad a metales pesados, anaerobiosis, contaminación atmosférica y radiación UV.

40 *Ensayo de tolerancia a la salinidad* – Se espera que las plantas transgénicas con tolerancia a altas concentraciones de sal presenten mejor germinación, vigor o crecimiento de las semillas en condiciones con alto contenido en sal. El estrés salino puede efectuarse de muchas maneras, tal como, por ejemplo, regando las plantas con una solución hiper osmótica, cultivando las plantas hidropónicamente en una solución de cultivo hiper osmótica (por ejemplo, solución de Hoagland con sal añadida) o cultivando las plantas en un medio de cultivo hiper osmótico [por ejemplo, medio Murashige-Skoog (medio MS) al 50 % de con sal añadida]. Dado que las diferentes plantas varían considerablemente en cuanto a su tolerancia con respecto a la salinidad, la concentración salina en el agua de riego, en la solución de cultivo o en el medio de cultivo, pueden ajustarse de acuerdo con las características específicas de la variedad de cultivo o variedad específica de una planta, para infringir un efecto leve o moderado sobre la fisiología y/o morfología de las plantas (para una orientación sobre la concentración apropiada véase, Bernstein y Kafkafi, Root Growth Under Salinity Stress In: Plant Roots, The Hidden Half 3^a ed. Waisel Y, Eshel A y Kafkafi U. (editores) Marcel Dekker Inc., Nueva York, 2002, y referencias en su interior).

55 Por ejemplo, puede realizarse un ensayo de tolerancia a la salinidad regando plantas a diferentes fases de desarrollo con concentraciones en aumento de cloruro de sodio (por ejemplo NaCl 50 mM, 100 mM, 200 mM, 400 mM) aplicadas desde abajo y desde arriba para garantizar la dispersión homogénea de la sal. Después de la exposición a la condición de estrés, las plantas se monitorizan frecuentemente hasta que aparecen efectos fisiológicos y/o morfológicos sustanciales en las plantas de tipo natural. Por tanto, el aspecto fenotípico externo, el grado de marchitamiento y el éxito global para alcanzar la madurez y producir descendencia se compara entre las plantas de control y las transgénicas. Los parámetros cuantitativos de tolerancia medios incluyen, pero sin limitación, humedad promedio y peso seco, tasa de crecimiento, tamaño foliar, cobertura foliar (área foliar total), el peso de las semillas producidas, el tamaño promedio de la semilla y el número de semillas producidas por planta. Las plantas transformadas que no presentan efectos fisiológicos y/o morfológicos sustanciales, o que presentan mayor biomasa en comparación con las plantas de tipo natural, se identifican como plantas tolerantes al estrés abiótico.

65 *Ensayo de tolerancia osmótico* - Los ensayos de estrés osmótico (incluyendo ensayos con cloruro de sodio y PEG) se realizan para determinar si un fenotipo de estrés osmótico es específico de cloruro de sodio o si es un fenotipo

general relacionado con el estrés osmótico. Las plantas que son tolerantes al estrés osmótico pueden tener más tolerancia a la sequía y/o a la congelación. Para experimentos de estrés salino y osmótico, el medio se complementa, por ejemplo, con NaCl 50 mM, 100 mM, 200 mM o PEG al 15 %, 20 % o 25 %. Véanse también los Ejemplos 6 y 7 de la sección de Ejemplos más adelante.

Ensayo de tolerancia a la sequía/ensayo osmótico - La tolerancia a la sequía se realiza para identificar los genes que confieren una mejor supervivencia a las plantas después de falta de agua intensa. Para analizar si las plantas transgénicas son más tolerantes a la sequía, puede realizarse un estrés osmótico producido por el osmolito no iónico sorbitol en el medio. Las plantas de control y transgénicas germinan y se cultivan en placas de agar vegetal durante 4 días, después de los cuales se transfieren a placas que contienen sorbitol 500 mM. El tratamiento ocasiona retraso del crecimiento, después, las plantas tanto transgénicas como de control se comparan, midiendo el peso de la planta (húmedo y seco), el rendimiento y mediante tasas de crecimiento medidas como tiempo para la floración.

Por otro lado, se realizan exploraciones de sequía basadas en suelo con plantas que sobreexpresan los polinucleótidos detallados anteriormente. Las semillas de plantas de control de *Arabidopsis*, o de otras plantas transgénicas que sobreexpresan el polipéptido de la divulgación germinan y se transfieren a macetas. El estrés por sequía se obtiene después de parar de regar, acompañado por la colocación de las macetas en papel absorbente para potenciar la tasa de secado del suelo. Las plantas transgénicas y de control se comparan entre sí cuando la mayoría de las plantas de control desarrollan marchitamiento severo. Las plantas vuelven a regarse después obteniendo una fracción significativa de plantas de control que presentan un marchitamiento severo. Las plantas se clasifican comparando los controles para cada uno de dos criterios: tolerancia a las condiciones de sequía y recuperación después de volver a regar (supervivencia).

Tolerancia al estrés por frío – Una manera de analizar el estrés por frío es la siguiente. Plantas maduras (25 días de vida) se transfieren a cámaras durante 1 o 2 meses a una temperatura de 4 °C, con luz constitutiva. Después las plantas se vuelven a llevar al invernadero. Dos semanas después, se comparan los daños del periodo de enfriamiento, resultantes del retraso del crecimiento y otros fenotipos, entre las plantas de control y las transgénicas, midiendo el peso de la planta (húmedo y seco), y comparando las tasas de crecimiento medidas como tiempo de floración, tamaño de la planta, rendimiento y similares.

Tolerancia al estrés por calor – Una manera de medir la tolerancia al estrés por calor es exponer las plantas a temperaturas por encima de 34 °C durante un periodo de tiempo determinado. La tolerancia de la planta se examina después de transferir las plantas de nuevo a 22 °C para su recuperación y evaluación después de 5 días con respecto a controles internos (plantas no transgénicas) o plantas no expuestas ni a estrés por frío ni a estrés por calor.

Ensayos de germinación – Los ensayos de germinación comparan el porcentaje de semillas de las plantas transgénicas que pueden completar el proceso de germinación con respecto al porcentaje de semillas de plantas de control que se tratan de la misma manera. Se consideran condiciones normales, por ejemplo, incubaciones a 22 °C con ciclos diarios de 22 horas de luz y de 2 horas de oscuridad. La evaluación de la germinación y el vigor de la plántula se realizan entre 4 y 14 días después de plantar. El medio basal es medio MS (Murashige y Skoog, 1962 Plant Physiology 15, 473-497) al 50 %.

La germinación se comprueba también en condiciones desfavorables tales como frío (incubando a temperaturas inferiores a 10 °C en lugar de a 22 °C) o usando soluciones de inhibición de semilla que contienen altas concentraciones de un osmolito tal como sorbitol (a concentraciones de 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM, y hasta 1000 mM) o aplicando concentraciones en aumento de sal (de NaCl 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM).

Efecto del transgén sobre el crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el vigor de la planta - El vigor de la planta puede calcularse a través del aumento de los parámetros de crecimiento tales como el área foliar, la longitud de la fibra, el diámetro de la roseta, el peso fresco de la planta y similar por intervalo de tiempo.

La tasa de crecimiento puede medirse usando análisis digital del crecimiento de las plantas. Por ejemplo, cada tres días pueden capturarse imágenes de plantas que crecen en invernaderos en parcelas y puede calcularse el área de la roseta mediante análisis digital. El crecimiento del área de la roseta se calcula usando la diferencia del área de la roseta entre días de muestreo dividido entre la diferencia en días entre muestras.

Las mediciones del rendimiento de las semillas pueden realizarse recogiendo las semillas totales de 8-16 plantas juntas, pesándolas usando una balanza analítica y dividiendo el peso total entre el número de plantas. El área de crecimiento por semilla puede calcularse de la misma manera aunque teniendo en cuenta el área de crecimiento determinado de una sola planta. El aumento del rendimiento de la semilla por área de crecimiento puede obtenerse aumentando el rendimiento de la semilla por planta y/o aumentando el número de plantas capaces de crecer en un área determinada.

La evaluación del rendimiento de la semilla por planta puede realizarse midiendo la cantidad (peso o tamaño) o cifra (es decir, número) de las semillas secas producidas y cosechadas de 8-16 plantas y dividido entre el número de plantas.

- 5 La evaluación de la tasa de crecimiento puede realizarse midiendo la biomasa de la planta producida, el área de la roseta, el tamaño foliar o la longitud radicular por tiempo (que puede medirse en cm^2 por día de área foliar).

10 La longitud de la fibra puede medirse usando un fibrógrafo. El sistema con fibrógrafo se usó para contar la longitud en cuanto a longitud "Media de la Mitad Superior". La longitud media de la mitad superior (MMS) es la longitud promedio de la mitad más larga de la distribución de la fibra. El fibrógrafo mide la longitud en longitudes por tramos a un punto de porcentaje determinado (Protocolo de Transfer de Hipertexto://World Wide Web (.) cottoninc (.) com/ClassificationofCotton/?Pg=4#Length).

- 15 Por tanto, la presente invención es de alto valor agrícola para promover el rendimiento de cultivos comercialmente deseados (por ejemplo, biomasa de órganos vegetativos tales como madera de álamo, u órganos reproductores tales como diversas semillas o biomasa de semillas).

Como se usa en el presente documento el término "aproximadamente" se refiere a $\pm 10\%$.

- 20 Los términos "comprende", "que comprende", "incluye", "que incluye" y "que tiene" y sus conjugados significan "incluyendo pero sin limitación".

La expresión "que consta de" significa "incluyendo y limitado a".

- 25 La expresión "que consta esencialmente de" significa que la composición, el método o estructura puede incluir ingredientes, etapas y/o partes adicionales, pero solo si los ingredientes, las etapas y/o las partes adicionales no alteran materialmente las características básicas y nuevas de la composición, método o estructura que se reivindica.

- 30 Como se usa en el presente documento, la forma singular "uno", "una", "el" y "la" incluyen referencias en plural a menos que el contexto dictamine claramente otra cosa. Por ejemplo, la expresión "un compuesto" o "al menos un compuesto" puede incluir una pluralidad de compuestos, incluyendo sus mezclas.

- 35 A lo largo de esta solicitud, diversas realizaciones de la presente invención pueden presentarse en un formato de intervalos. Debe entenderse que la descripción en formato de intervalos es exclusivamente por conveniencia y brevedad y no debe considerarse como una limitación inflexible del alcance de la invención. Por consiguiente, debe considerarse que en la descripción de un intervalo se han desvelado específicamente todos los subintervalos posibles así como los valores numéricos individuales dentro del intervalo. Por ejemplo, la descripción de un intervalo, tal como, de 1 a 6, debe considerarse que se ha desvelado específicamente en subintervalos tales como de 1 a 3, de 1 a 4, de 1 a 5, de 2 a 4, de 2 a 6, de 3 a 6, etc., así como en números individuales dentro de ese intervalo, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 y 6. Esto se aplica con independencia de la amplitud del intervalo.

- 40 Siempre que en el presente documento se indique un intervalo numérico, se entiende que incluye cualquier número (fracción o entero) citado dentro del intervalo indicado. Las frases "que varía/varía entre" un primer número indicado y un segundo número indicado y "que varía/varía de" un primer número indicado "a" un segundo número indicado, se usan en el presente documento indistintamente y pretenden incluir el primer y segundo número indicado y todos los números, fracciones o enteros, entre los mismos.

- 45 Como se usa en el presente documento, el término "método" se refiere a maneras, medios, técnicas y procedimientos para realizar una tarea determinada incluyendo, pero sin limitación, aquellas maneras, medios, técnicas y procedimientos bien conocidos, o fácilmente desarrollados de maneras, medios, técnicas y procedimientos conocidos por los facultativos de la técnica química, farmacológica, biológica, bioquímica y médica.

- 50 Se aprecia que determinadas características de la invención, que por claridad se describen en el contexto de realizaciones distintas, también pueden proporcionarse en combinación en una sola realización. A la inversa, diversas características de la invención que, por brevedad se describen en el contexto de una sola realización, también pueden proporcionarse por separado o en cualquier subcombinación adecuada o, según sea adecuado, en cualquier realización descrita distinta de la invención. Determinadas características descritas en el contexto de las diversas realizaciones no han de considerarse características esenciales de aquellas realizaciones, a menos que la realización sea inoperativa sin aquellos elementos.

- 60 Diversas realizaciones y aspectos de la presente invención se han definido anteriormente en el presente documento y, como se reivindica más adelante en la sección de reivindicaciones, encuentran respaldo experimental en los siguientes ejemplos.

- 65 **Ejemplos**

Ahora, se hace referencia a los siguientes ejemplos, que junto con la descripción anterior ilustran algunas realizaciones de la invención de modo no limitante.

Generalmente, la nomenclatura usada en el presente documento y en los procedimientos de laboratorio utilizados en la presente invención, incluyen técnicas moleculares, bioquímicas, microbiológicas y de ADN recombinante. Dichas técnicas se explican detalladamente en la bibliografía. Véase, por ejemplo, "Molecular Cloning: A laboratory Manual" Sambrook et al., (1989); "Current Protocols in Molecular Biology" volúmenes I-III Ausubel, R. M., ed. (1994); Ausubel et al., "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley y Sons, Baltimore, Maryland (1989); Perbal, "A Practical Guide to Molecular Cloning", John Wiley & Sons, Nueva York (1988); Watson et al., "Recombinant DNA", Scientific American Books, Nueva York; Birren et al. (eds) "Genome Analysis: A Laboratory Manual Series", Vols. 1-4, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Nueva York (1998); metodologías como las expuestas en las Patentes de Estados Unidos Nos 4.666.828; 4.683.202; 4.801.531; 5.192.659 Y 5.272.057; "Cell Biology: A Laboratory Handbook", Volumes I-III Cellis, J. E., ed. (1994); "Current Protocols in Immunology" Volumes I-III Coligan J. E., ed. (1994); Stites et al. (eds), "Basic and Clinical Immunology" (8th Edition), Appleton & Lange, Norwalk, CT (1994); Mishell y Shiigi (eds), "Selected Methods in Cellular Immunology", W. H. Freeman y Co., Nueva York (1980); inmunoensayos disponibles se describen extensamente en la bibliografía de patente y científica, véanse, por ejemplo, las Patentes de Estados Unidos Nos 3.791.932; 3.839.153; 3.850.752; 3.850.578; 3.853.987; 3.867.517; 3.879.262; 3.901.654; 3.935.074; 3.984.533; 3.996.345; 4.034.074; 4.098.876; 4.879.219; 5.011.771 Y 5.281.521; "Oligonucleotide Synthesis" Gait, M. J., ed. (1984); "Nucleic Acid Hybridization" Hames, B. D., y Higgins S. J., eds. (1985); "Transcription and Translation" Hames, B. D., and Higgins S. J., Eds. (1984); "Animal Cell Culture" Freshney, R. I., ed. (1986); "Immobilized Cells and Enzymes" IRL Press, (1986); "A Practical Guide to Molecular Cloning" Perbal, B., (1984) y "Methods in Enzymology" Vol. 1-317, Academic Press; "PCR Protocols: A Guide To Methods And Applications", Academic Press, San Diego, CA (1990); Marshak et al., "Strategies for Protein Purification and Characterization - A Laboratory Course Manual" CSHL Press (1996). A lo largo de este documento se proporcionan otras referencias generales. Se piensa que los procedimientos del presente documento son muy conocidos en la técnica y se proporcionan por comodidad para el lector.

EJEMPLO 1

IDENTIFICACIÓN DE SUPUESTOS GENES QUE AUMENTAN LA TOLERANCIA AL ESTRÉS ABIÓTICO Y O EL RENDIMIENTO/BIOMASA

Los autores de la presente invención han identificado genes que aumentan la tolerancia al estrés abiótico (TEAB) y/o la tasa de crecimiento/rendimiento/biomasa/vigor, de la siguiente manera. Los genes se validaron *in vivo* como previamente describió en el documento WO2004/104162 el presente cesionario. Todos los conjuntos de datos de secuencias de nucleótidos usados en el presente documento se originaron en bases de datos disponibles al público. Los datos de secuencias de 50 especies diferentes (principalmente especies vegetales) se introdujeron en una sola base de datos integral.

También se incorpora otra información sobre la expresión de genes, anotación de proteínas, enzimas y rutas. Las bases de datos principales usadas incluyen:

• Genomas

- Genoma de *Arabidopsis* [genoma TAIR versión 6 (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). *Arabidopsis* (.). org/)]
- Genoma de arroz [construcción IRGSP 4.0 (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://rgp (.). dna (.). affrc (.). go (.). jp/IRGSP/)].
- Álamo [*Populus trichocarpa* versión 1.1 de JGI (ensamblaje versión v1.0) (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). genome (.). jgi-psf (.). org/)]
- *Brachypodium* [JGI 4x ensamblaje Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). brachypodium (.). org]
- Soja [DOE-JGI SCP, versión Glyma0 (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). phytozome (.). net/)]
- Uva [NCBI WGS ensamblaje ftp://ftp (.). ncbi (.). nih (.). gov/ genbank/wgs/)]
- Ricino [TIGR/J Craig Venter Institute 4x ensamblaje
- Protocolo de Transferencia de Hipertexto://msc (.). jcvl (.). org/r_communis
- Sorgo [DOE-JGI SCP, version Sbi1 Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). phytozome (.). net/)].

• Las secuencias de EST (del acrónimo Expressed Sequence Tags, etiquetas de secuencia expresada) expresadas y de ARNm se extrajeron de

- GeneBank versiones 154, 157, 160, 161, 164, y 165 (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). ncbi (.). nlm (.). nih (.). gov/dbEST/)
- RefSeq (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). ncbi (.). nlm (.). nih (.). gov/RefSeq/).
- TAIR (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.). arabidopsis (.). org/).

- Las bases de datos de proteínas y rutas se extrajeron de
 - Uniprot (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web.expasy.uniprot.org/).
 - AraCyc (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) arabidopsis (.) org/biocyc/index (.) jsp).
 - ENZYME (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://expasy.org/enzyme/).

- Los conjuntos de datos de micromatrices se descargaron de

- GEO (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web.ncbi.nlm.nih.gov/geo/)
- TAIR (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web.arabidopsis.org/).
- Datos de micromatrices de la fibra de algodón de la patente de Evogene

- Información QTL (acrónimo de Quantitative Trait Locus, locus de carácter cuantitativo)

- Gramene (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) gramene (.) org/ql/).

Se realizó un ensamblaje de Bases de Datos para construir una base de datos amplia, rica, fiable, anotada y fácil de analizar que comprendía datos de secuencias de ARNm genómico, EST y ADN, de diversos cultivos así como datos de expresión de genes, anotación de proteínas y rutas, QTL, y otra información relevante.

El ensamblaje de las bases de datos comprendía una aplicación de herramientas de refinamiento de genes, estructuración, anotación y análisis que permitía construir una base de datos a medida para cada proyecto de descubrimiento génico. Las herramientas del refinamiento de genes y estructuración permiten detectar, de manera fiable, variantes de corte y empalme y transcritos antisentido, generando el entendimiento de los posibles diversos resultados fenotípicos de un solo gen. La capacidad de la plataforma "LEADS" de Compugen LTD para analizar el genoma humano se ha confirmado y aceptado por el comité científico ("Widespread Antisense Transcription", Yelin, et al. (2003) Nature Biotechnology 21, 379-85; "Splicing of Alu Sequences", Lev-Maor, et al. (2003) Science 300 (5623), 1288-91), y también ha demostrado ser la más eficaz en genómica de plantas.

Agrupamiento de EST y ensamblaje de genes - Para agrupar y ensamblar genes de *arabidopsis* y de arroz se empleó la versión "genomic LEADS". Esta herramienta permite agrupar de un modo más exacto secuencias de EST y de ARNm en el genoma y predice la estructura génica así como eventos de corte y empalme alternativo y transcripción antisentido.

Para organismos con datos de secuencias de genoma completo no disponibles, se aplicó "LEADS expresado", así como el programa informático de agrupamiento TIGR (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) tigr (.) org/). Los resultados de las dos herramientas de agrupamiento se compararon y en los casos en los que los grupos previstos por las dos herramientas eran significativamente diferentes, se presentaron y se consideraron las dos versiones.

Anotación de genes – los genes y las proteínas previstos(as) se anotaron de la siguiente manera:

- Se realizó búsqueda con Blast (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) ncbi (.) nlm (.) nih (.) gov (.) library (.) vu (.) edu (.) au/BLAST/) contra todas las secuencias UniProt de plantas (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) expasy (.) uniprot (.) org/).
- Se utilizaron cálculos con Frame-Finder (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) ebi (.) ac (.) uk/~guy/estate/) con valores estadísticos por defecto para predecir secuencias de proteínas para cada transcrito.
- Las proteínas previstas se analizaron con InterPro (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) ebi (.) ac (.) uk/interpro/).
- Se usaron proteínas contra Blast de las bases de datos de AraCyc y ENZYME para mapear los transcritos previstos para las rutas AraCyc.
- Cada transcrito se comparó usando el algoritmo tblastx (Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) ncbi (.) nlm (.) nih (.) gov (.) library (.) vu (.) edu (.) au/BLAST/) contra el resto de las bases de datos de otros organismos para validar la exactitud de la secuencia de proteínas prevista y para una detección eficaz de ortólogos.

Perfil de expresión de genes - Se aprovecharon muy pocas fuentes de datos para realizar el perfil de expresión de genes, particularmente datos de micromatriz y de perfil de expresión digital (véase más adelante). De acuerdo con el perfil de expresión de genes, se realizó un análisis de correlación para identificar genes que estaban co-regulados en diferentes fases de desarrollo y condiciones ambientales.

Se descargaron conjuntos de datos de micromatrices disponibles para el público de los sitios TAIR y NCBI GEO, se renormalizaron y se integraron en las bases de datos. El perfil de expresión fue uno de los datos de recursos más importantes para identificar genes importantes para la TEAB. Además, cuando genes homólogos de diferentes cultivos eran sensibles a la TEAB, los genes se marcaban como "altamente predictivos para mejorar la TEAB".

Se recopiló un resumen de perfil de expresión digital para cada grupo de acuerdo con todas las palabras clave incluidas en los registros de secuencias que comprendían el grupo. La expresión digital, también conocida como transferencia de Northern electrónica, es una herramienta que muestra un perfil de expresión virtual basado en las secuencias EST que forman el grupo génico. La herramienta puede proporcionar el perfil de expresión de un grupo en cuanto a la anatomía de la planta (al ser los tejidos/órganos el gen expresado), fase de desarrollo (las fases de desarrollo a las que puede encontrarse un gen) y perfil de tratamiento (que proporciona las condiciones fisiológicas en las que se expresa un gen, tal como sequía, frío, infección por patógenos, etc.). Dada una distribución al azar de las EST en los diferentes grupos, la expresión digital proporciona un valor de probabilidad que describe la probabilidad de un grupo que tiene un total de N EST para contener X EST de una determinada colección de bibliotecas. Para efectuar los cálculos de probabilidad se tiene en cuenta: a) el número de EST en el grupo, b) el número de un EST de las bibliotecas implicadas y relacionadas, c) el número total de EST disponibles que representan las especies. Por lo tanto los grupos con valores de baja probabilidad están enormemente enriquecidos con EST del grupo de bibliotecas de interés indicando una expresión especializada.

Los conceptos de ortología y paralogía se han aplicado recientemente a caracterizaciones y clasificaciones funcionales en la escala de comparaciones de todo el genoma. Los ortólogos y parálogos constituyen dos tipos de homólogos principales los primeros evolucionaron de un ancestro común por especialización y los segundos están relacionados por eventos de duplicación. Se supone que los parálogos surgen de eventos de duplicación antiguos cuya función probablemente ha divergido mientras que es más probable que los ortólogos verdaderos no conserven la misma función a lo largo de la evolución.

Para investigar e identificar adicionalmente supuestos genes ortólogos de especies monocotiledóneas con TEAB, se integraron dos métodos informáticos:

(i) *Método para alineaciones de secuencias ortólogas* - basado en la construcción de grupos ortólogos a través de múltiples taxones eucariotas, usando modificaciones en el algoritmo de grupos de Markov para agrupar supuestos ortólogos y parálogos. Estos supuestos ortólogos se organizaron adicionalmente en un Filograma - un diagrama con ramificaciones (árbol) que se supone que es una estimación de una filogenia de los genes.

(ii) *Método para generar perfiles de expresión de genes "Expresión Digital"* - los autores de la presente invención han realizado un considerable esfuerzo dirigido a secuencias de anotación. Los datos de expresión se analizaron y las bibliotecas de EST se clasificaron usando un vocabulario fijo de términos habituales tales como tratamientos experimentales. Las anotaciones de todas las EST agrupadas para un gen se analizaron estadísticamente comparando su frecuencia en el grupo frente a su abundancia en la base de datos, lo que permitió construir un perfil de expresión número y gráfico de ese gen, que se denomina "expresión digital".

La lógica de usar estos dos métodos complementarios se basa en la suposición de que probablemente los ortólogos verdaderos conservan la misma función a lo largo de la evolución. Estos dos métodos (patrón de secuencias y de expresión) proporcionan dos conjuntos de indicaciones diferentes en función de las similitudes entre dos genes homólogos, similitudes en el nivel de secuencia – mismos aminoácidos en los dominios de las proteínas y similitudes en los perfiles de expresión.

En total, se identificaron 110 genes que tenían un impacto principal sobre la TEAB cuando se sobreexpresaban en plantas. Los genes de TEAB identificados, sus secuencias curadas de polinucleótidos y polipéptidos, así como sus secuencias actualizadas de acuerdo con la base de datos del GenBank se resumen más adelante en la Tabla 1 del presente documento.

Tabla 1
Genes de TEAB identificados

SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipéptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Polipéptido
1	MAB1	MAB1.0.arroz gb154 BM42111_11_T1	arroz	201		
2		MAB 1.1.arroz gb157.2 BM42 1111_T1	arroz	202	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
3	MAB2	MAB2.0.arroz gb154 AU2255_47_T1	arroz			proteína no prevista
4		MAB2.1.arroz gb157.2 AU225 547_T1	arroz		actualizado para producción gb157.2	
5	MAB3	MAB3.0.arroz gb154 BE03999_5_T1	arroz	203		
6		MAB3.1.arroz gb157.2 BE039 995_T1	arroz	204	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
7	MAB4	MAB4.0.arroz gb154 B181227_7_T1	arroz	205		
8		MAB4.7.arroz gb157.2 B18122 77_CT1	arroz		curado	
9	MAB5	MAB5.0.arroz gb154 CB6241_06_T1	arroz	206		
10	MAB6	MAB6.0.arabidopsis gb154 Z47404_T1	arabidopsis	207		
11	MAB7	MAB7.0.arabidopsis 6 AT5G 47560.1	arabidopsis	208		
12		MAB7.1.arabidopsis gb165 AT5G47560_T1	arabidopsis	209	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
13	MAB8	MABB 0.arroz gb154 BU6729_31_T1	arroz	210		
14		MAB8.7.arroz gb154 BU6729 31_T1	arroz		Bioinformaticos y ADN Curado	
15	MAB9	MB9.0.arabidopsis gb154 BE844934_T1	arabidopsis	211		
16	MAB10	MAB10.0.arabidopsis gb154 Z27056_T1	arabidopsis	212		
17	MAB11	MAB11.0.arabidopsis gb154 Z34014_T1	arabidopsis	213		
18		MAB11.1.arabidopsis gb165 AT5G52300_T1	arabidopsis	214	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
19	MAB12	MAB12.0.arabidopsis gb154 ATL140_T1	arabidopsis	215		
20		MAB12.1.arabidopsis gb165 AT5G52310_T1	arabidopsis	216	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
21	MAB13	MAB13.0.arabidopsis 6 AT2G38760.1	arabidopsis	217		
22		MAB13.1.arabidopsis gb165 AT2G38760_T1	arabidopsis	218	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
23	MAB14	MAB14.0.arroz gb154 AB042 259_T1	arroz	219		
24		MAB14.1.arroz gb157.2 AB04 2259_T1	arroz	220	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
25	MAB15	MAB15.0.sorgo gb154 AT724695_T1	sorgo	221		
26	MAB16	MAB16.0.arroz gb154 B17951_72_T1	arroz	222		

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipéptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Polipéptido
27		MAB16.1.arroz gb157.2 BI795 172_ T1	arroz	223	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
28	MAB17	MAB17.0.soja gb154 BE821839_ T1	soja	224		
29	MAB18	MAB18.0.cebada gb154 BF625971_ T1	cebada	225		
				226		proteína Bioinformatics & Proteína Curado
30	MAB19	MAB19.0.sorgo gb154 AW563861_ T1	sorgo	227		
31		MAB19.1.sorgo gb161.xeno AW563861_ T1	sorgo	228	actualizado para producción gb161.xeno	actualizado para producción gb161.xeno
32	MAB20	MAB20.0.arabidopsis gb154 T04691_ T1	arabidopsis	229		
33		MAB20.1.arabidopsis gb165 AT1G61890_ T1	arabidopsis	230	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
34	MAB21	MAB21.0.arroz gb154 BE2300 53_ T1	arroz	231		
35		MAB21.1.arroz gb157.2 BE23 0053_ T1	arroz	232	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
36	MAB22	MAB22.0.tomate gb154 BG791299_ T1	tomate	233		
				234		Curado
37	MAB23	MAB23.0.arroz gb154 BI3058 10_ T1	arroz	235		
38	MAB24	MAB24.0.arroz gb154 BI8082 73_ T1	arroz	236		
39		MAB24.7.arroz gb157.2 BI808273_ CT1	arroz		curado	
40	MAB25	MB25.0.arabidopsis 6 AT1 G27760.1	arabidopsis	237		
41		MAB25.1.arabidopsis gb165 AT1G27760_ T1	arabidopsis	238	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
42	MAB26	MAB26.0.arroz gb154 AW155 625_ T1	arroz	239	239	
43		MAB26.7.arroz gb157.2 BI305 400 CT1	arroz	curado		
44	MAB27	MAB27.0.arabidopsis gb154 AY045660_ T1	arabidopsis	240		
45		MAB27.7.arabidopsis gb165 AT5G24120_ CT1	arabidopsis		curado	
46	MAB28	MAB28.0.arroz gb154 BI7951 08_ T1	arroz	241		
47		MAB28.7.arroz gb157.2 BI795108_ CT1	arroz		curado	
48	MAB29	MAB29.0.arabidopsis gb154 AU239137_ T2	arabidopsis	242		
49		MAB29.1.arabidopsis gb165 AT2G25600_ T1	arabidopsis	243	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
50	MAB30	MAB30.0.arabidopsis gb154 AY062542_ T1	arabidopsis	244		
51		MAB30.7.arabidopsis gb165 AT1G70300_ CT1	arabidopsis		Curado	
52	MAB31	MAB31.0.soja gb154 BI968709_ T1	soja	245		

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipeptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Polipeptido
53		MAB31.7.sojalgb162 BI968709_CT1	soja	246	Curado	curado
54	MAB32	MAB32.0.arrozlgb154 AF0395_32_T1	arroz	247		
55	MAB33	MAB33.0.maizlgb154 AI61_5215_T1	maiz	248		
56		MAB33.1.maizlgb164 AI61_5215_T1	maiz	249	actualizado para producción gb164	
57	MAB34	MAB34.0.cebada gb154 TG_BF625450_T1	cebada	250		
58		MAB34.1.cebada gb157.2 BF625450_T1	cebada	251	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
59	MAB35	MAB35.0.arabidopsislgb154 AA651513_T1	arabidopsis	252		
60		MAB35.1.arabidopsislgb165 AT2G16890_T1	arabidopsis	253	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
61	MAB36	MAB36.0.arabidopsislgb154 AU239340_T1	arabidopsis	254		
62		MAB36.1.arabidopsislgb165 AT4G27570_T1	arabidopsis	255	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
63	MAB37	MAB37.0.tomate gb154 BG125939_T1	tomate	256		
64		MAB37.7.tomate gb164 BG_125939_CT1	tomate		curado	
65	MAB38	MAB38.0.trigolgb154 BE492836_T1	trigo	257		
66		MAB38.7.trigolgb164 BE492836_CT1	trigo	258	curado	curado
67	MAB39	MAB39.0.cebada gb154 AL500200_T1	cebada	259		
68		MAB39.1.cebada gb157.2 AL500200_T1	cebada	260	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
69	MAB40	MAB40.0.arrozlgb154 AA754_628_T1	arroz	261		
70		MAB40.7.arrozlgb157.2 AA754628_CT1	arroz		curado	
71	MAB41	MAB41.0.tomate gb154 AI489494_T1	tomate	262		
72		MAB41.7.tomate gb164 AI489494_T1	tomate		curado	
73	MAB42	MAB42.0.sorgolgb154 BE595950_T1	sorgo	263		
74		MAB42.7.sorgolgb161.xenol AI881418_CT1	sorgo	264	curado	curado
75	MAB43	MAB43.0.arabidopsislgb154 BE662945_T1	arabidopsis	265		
76		MAB43.1.arabidopsislgb165 AT5G26920_T1	arabidopsis	266	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
77	MAB44	MAB44.0.arabidopsislgb154 H36025_T1	arabidopsis	267		
78		MAB44.1.arabidopsislgb165 AT1G67360_T1	arabidopsis	268	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
79	MAB45	MAB45.0.trigolgb154 TG_BQ172359_T1	trigo	269		
80		MAB45.1.trigolgb164 BQ172359_T1	trigo	270	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipéptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Polipéptido
81	MAB46	MAB46.0.arabidopsis gb154 AA389812_T1	arabidopsis	271		
82	MAB47	MAB47.0.sorgo gb154 AV672286_T1	sorgo	272		
83		MAB47.7.sorgo gb161.xeno AI948276_CT1	sorgo	273	Curado	Curado
84	MAB48	MAB48.0.arroz gb154 BI8021_61_T1	arroz	274		
85		MAB48.7.arroz gb157.2 AU092454_CT1	arroz	275	curado	curado
86	MAB49	MAB49.0.maiz gb154 TG_AI621810_T1	maiz	276		
87		MAB49.7.maiz gb164 AI621810_CT1	maiz	Curated		
88	MAB50	MAB50.0.arabidopsis gb154 IW43146_T1	arabidopsis	277		
89		MAB50.1.arabidopsis gb165 AT5G48570_T1	arabidopsis	278	actualizado para producción_gb165	actualizado para producción_gb165
90	MAB91	MAB91.0.arabidopsis gb154 AU236480_T1	arabidopsis	279		
				280	curado	
91	MAB96	MAB96.0.arabidopsis gb154 Z27256_T1	arabidopsis	281		
92		MAB96.7.arabidopsis gb165 AT5G03800_CT1	arabidopsis	282	curado	curado
93	MAY99	MAB99.0.tomate gb154 BG735056_T1	tomato	2833		
94		MAB100MAB100.0.arabidopsis gb154 Z37259_T1	arabidopsis	284		
95		MAB100.1.arabidopsis gb165 AT1G01470_T1	arabidopsis	285	actualizado para producción_gb165	actualizado para producción_gb165
96	MAB104	MAB104.0.arroz gb154 BE039_215_T1	arroz	286		
97		MAB104.1.arroz gb157.2 BE039215_T1	arroz	287	actualizado para producción_gb157.2	actualizado para producción_gb157.2
98	MAB121	MAB121.0.caña de azúcar gb157 CA079500_T1	caña de azúcar	288		
99		MAB121.1.caña de azúcar gb157.2 CA079500_T1	caña de azúcar	289	actualizado para producción_gb157.2	actualizado para producción_gb157.2
100	MAB122	MAB122.0.maiz gb154 AI901344_T9	maiz	290		
101	MAB123	MAB123.0.cebada gb157 BF626638_T1	cebada	291		
102		MAB123.1.cebada gb157.2 BF626638_T1	cebada	292	actualizado para producción_gb157.2	actualizado para producción_gb157.2
103	MAB124	MAB124.0.caña de azúcar gb257 CA284042_T1	caña de azúcar	293		
104		MAB124.1.caña de azúcar gb157.2 CA284042_T1	caña de azúcar	294	actualizado para producción_gb157.2	actualizado para producción_gb157.2
105	MAB125	MAB125.0.arroz gb157 CF957_213_T1	arroz 295			
106		MAB125.1.arroz gb157.2 CF957213_T1	arroz	296	actualizado para producción_gb157.2	actualizado para producción_gb157.2

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipeptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Polipeptido
107	MAB126	MAB126.0.uva gb157 BQ797309_T1	uva	297		
108		MAB126.1.uva gb160 BQ797309_T1	uva	298	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
109	MAB127	MAB127.0.uva gb157 CB971532_T1	uva	299		
110		MAB 127.1.uva gb160 CB971532_T1	uva	300	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
111	MAB128	MAB128.0.caña de azúcar gb157 CA142162_T1	caña de azúcar	301		
112		MAB128.1.caña de azúcar gb157.2 CA142162_T1	caña de azúcar	302	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
113	MAB129	MAB129.0.tomate gb157 A486106_T1	tomate	303		
114		MAB129.1.tomate gb164 A486106_T1	tomate	304	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
115	MAB130	MAB130.0.colza gb157 CD829694_T1	colza	305		
116	MAB131	MAB131.0.tomate gb157 AV928843_T1	tomate	306		
117		MAB131.1.tomate gb164 AW928843_T1	tomate	307	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
118	MAB132	MAB132.0.cebada gb157 BF621624_T1	cebada	308		
119	MAB133	MAB133.0.cebada gb157 BB411546_T1	cebada	309		
120		MAB133.1.cebada gb157.2 BE411546_T1	cebada	310	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
121	MAB134	MAB134.0.cebada gb157 BE437407_T1	cebada	311		proteína Bioinforma tics & Proteína Curado
				312		
122	MAB135	MAB135.0.loto gb157 AI96 7693_T1	loto	313		
123		MAB135.1.loto gb157.2 AI967693_T1	loto	314	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
124	MAB136	MAB136.0.arroz gb157 AK05 8573_T1	arroz	315		
125		MAB136.1.arroz gb157.2 AK058573_T1	arroz	316	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
126	MAB137	MAB137.0.cebada gb157 AL508624_T1	cebada	317	de patente provisional	
127		MAB137.1.cebada gb157.2 AL508624_T1	cebada	318	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
128	MAB138	MAB 138.0.patata gb157 BI177281_T1	patata	319	de patente provisional	
129		MAB 138.1.patata gb157.2 BI177281_T1	patata	320	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
130	MAB 139	MAB139.0.algodón gb157.2 A1727826_T1	algodón	321	de patente provisional	

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Poli péptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Poli péptido
131		MAB 139.1.algodón gb164 AI727826_T1	algodón	322	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
132	MAB140	MAB140.0.cebada gb157 BI778498_T1	cebada	323	de patente provisional	
133		MAB140.1.cebada gb157.2 BI778498_T1	cebada	324	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
134	MAB141	MAB141.0.cebada gb157 BE421008_T1	cebada	325	de patente provisional	
135	MAB142	MAB142.0.algodón gb157.2 AI055631_T2	algodón	326	de patente provisional	
136		MAB142.0.algodón gb157.2 AI055631_T1	algodón	327	de patente provisional	
137		MAB 142.1.algodón gb164 AW187041_T1	algodón	328	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
138	MAB143	MAB 143.0.tomate gb157 AI487157_T1	tomate	329	de patente provisional	
139		MAB 143.1.tomate gb164 AI487157_T1	tomate	330	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
140	MAB 144	MAB 144.0.uva gb157 CA814960_T1	uva	331	de patente provisional	
141		MAB 144.1.uva gb160 CA814960_T1	uva	332	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
142	MAB145	MAB 145.0.cebada gb157 BE413365_T1	cebada	333	de patente provisional	
143	MAB146	MAB 146.0.tomate gb157 AI773927_T1	tomate	334	de patente provisional	
144		MAB 146.1.tomate gb164 AI773927_T1	tomate	335	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
145	MAB147	MAB 147.0.tabaco gb157 EB446189_T1	tabaco	336		
146		MAB 147.1.tabaco gb162 EB446189_T1	tabaco	337	actualizado para producción gb162	actualizado para producción gb162
147	MAB148	MABM8.0.medicago gb157 AW256654_T1	medicago	338		
148		MAB148.1.medicago gb157.2 AW256654_T1	medicago	339	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
149	MAB150	MAB150.0.colza gb157 CD818831_T1	colza	340		
150		MAB150.1.colza gb161 CD818831_T1	colza	341	actualizado para producción gb161	actualizado para producción gb161
151	MAB151	MAB 151.0.patata gb157 BQ513540_T1	patata	342		
152		MAB151.1.patata gb157.2 BQ513540_T1	patata	343	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
153	MAB 152	MAB152.0.uva gb157 BQ798655_T1	uva	344		
154		MAB152.1.uva gb160 BQ798655_T1	uva	345	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
155	MAB153	MAB153.0.caña de azúcar gb157 BQ533857_T1	caña de azúcar	346		

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipéptido	Descripción del Polinucleótido actualizado para producción gb157.2	Descripción del Polipéptido actualizado para producción gb157.2
156		MAB153.1.caña de azúcar gb157.2 BQ533857_T1	caña de azúcar	347		
157	MAB154	MAB154.0.caña de azúcar gb157 BQ537570_T3	caña de azúcar	348		
158		MAB154.0.caña de azúcar gb157 BQ537570_T2	caña de azúcar	349		
159		MAB154.0.caña de azúcar gb157 BQ537570_T1	caña de azúcar	350		
160		MAB154.1.caña de azúcar gb157.2 BQ537570_T1	caña de azúcar	351	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
161	MAB155	MAB155.0.sorgo gb157 AW676730_T1	sorgo	352		
162		MAB155.1.sorgo gb161.xeno AW676730_T1	sorgo	353	actualizado para producción gb161.xeno	actualizado para producción gb161.xeno
163	MAB156	MAB156.0.tabaco gb157 AB117525_T1	tabaco	354		
164		MAB156.1.tabaco gb162 AB117525_T1	tabaco	355	actualizado para producción gb162	actualizado para producción gb162
165	MAB 157	MAB157.0.caña de azúcar gb157 BQ533820_T2	caña de azúcar	356		
166		MAB157.0.caña de azúcar gb157 BQ533820_T1	caña de azúcar	357		
167		MAB 157.1.caña de azúcar gb157.2 BQ533820_T1	caña de azúcar	358	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
168	MAB158	MAB158.0.algodón gb157.2 A1054450_T1	algodón	359		
169	MAB159	MAB159.0.colza gb157 CD818488_T1	colza	360		
170	MAB160	MAB160.0.cebada gb157 BF622450_T1	cebada	361		
171	MAB161	MAB 161.0.álamo gb157 BU896597_T1	álamo	362		
172		MAB161.1.álamo gb157.2 BU896597_T1	álamo	363	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
173	MAB162	MAB162.0.caña de azúcar gb157 BU102611_T1	caña de azúcar	364		
174		MAB 162.1.caña de azúcar gb157.2 BU102611_T1	caña de azúcar	365	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
175	MAB163	MAB163.0.cebada gb157 AL501813_T1	cebada	366		
176		MAB 163.1.cebada gb157.2 AL501813_T1	cebada	367	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb 157.2
177	MAB164	MAB164.0.cebada gb157 BF253543_T1	cebada	368		

Genes de TEAB identificados						
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipéptido	Descripción del Polinucleótido	Descripción del Polipéptido
178		MAB 164.1.cebada gb157.2 BF253543_T1	cebada	369	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
179	MAB165	MAB165.0.uva gb157 BQ793123_T1	uva	370		
180	MAB166	MAB166.0.álamo gb157 CV228694_T1	álamo	371		
181		MAB166.1.álamo gb157.2 CV228694_T1	álamo	372	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
182	MAB167	MAB167.0.colza gb157 CX278043_T1	colza	373		
183		MAB167.1.colza gb161 CX278043_T1	colza	374	actualizado para producción gb161	actualizado para producción gb161
184	MAB168	MAB168.0.uva gb157 BG273815_T1	uva	375		
185		MAB168.1.uva gb160 BG273815_T1	uva	376	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
186	MAB169	MAB169.0.algodón gb157.2 COTLEA14B_T1	algodón	377		
187		MAB 169.1.algodón gb164 COTLEA14B_T1	algodón	378	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
188	MAB170	MAB170.0.cebada gb157 BE4 12505T1	cebada	379		
189		MAB170.1.cebada gb157.2 BE412505_T1	cebada	380	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
190	MAB171	MAB171.0.caña de azúcar gb157 CA123631_T1	caña de azúcar	381		
191		MAB 171.1.caña de azúcar gb157.2 CA123631_T1	caña de azúcar	382	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
192	MAB 172	MAB172.0.caña de azúcar gb157 BQ478980_T1	caña de azúcar	383		
193		MAB172.0.caña de azúcar gb157 BQ478980_T2	caña de azúcar	384		
194	MAB 173	MAB173.0.cebada gb157 BY836652_T1	cebada	385		
195		MAB173.1.cebada gb157.2 BY836652_T1	cebada	386	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
196	MAB174	MAB174.0.cebada gb157 BG 342904T1	cebada	387		
197		MAB174.1.cebada gb157.2 BG342904_T1	cebada	388	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
198	MAB 175	MAB175.0.tomate gb157 BG126606_T1	tomate	389		
199		MAB175.0.tomate gb157 BG 126606T2	tomate	390		
200		MAB175.1.tomate gb164 BG126606_T1	tomate	391	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
1653	MAB66	MAB66.0.tomate gb164 BG124832_CT1	tomate	1651		

Genes de TEAB identificados					
SEC ID N°: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEC ID N°: Polipeptido	Descripción del Polinucleótido
Tabla 1.					
					Descripción del Polipeptido

5 Los polinucleótidos y polipéptidos que tienen homología significativa con los genes de TEAB identificados se han identificado de las bases de datos usando el programa informático BLAST con el algoritmo BlastX. Las secuencias de nucleótidos de búsqueda fueron las de las SEC ID Nos: 1, 3, 5, 7, 9, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 19, 21, 23, 25, 26, 28, 29, 30, 32, 34, 36, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 88, 90, 91, 93, 94, 96, 98, 100, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 118, 119, 121, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 138, 140, 142, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 161, 163, 165, 168, 169, 170, 171, 173, 175, 177, 179, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198 y 1653 y los homólogos de TEAB identificados se proporcionan en la siguiente Tabla 2.

Tabla 2
Homólogos de genes de TEAB

Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipeptido SEC ID N°:	Homología con un polipeptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
392	manzana gb157.3 CN444532_T1	manzana	961	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	85
393	manzana gb157.3 CN444537_T1	manzana	962	Sec376.MAB168.15.uva	87
394	manzana gb157.3 CN878026_T1	manzana	963	Sec350.MAB154.15.caña de azúcar	80
395	manzana gb157.3 CN900582_T1	manzana	964	Sec321.MAB139.15.algodón	85
396	manzana gb157.3 CN888579_T2	manzana	965	Sec256.MAB37.15.tomate	86
397	manzana gb157.3 CN888579_T3	manzana	966	Sec256.MAB37.15.tomate	81
398	manzana gb157.3 CO066535_T1	manzana	967	Sec370.MAB165.15.uva	84
399	manzana gb157.3 CN888579_T1	manzana	968	Sec256.MAB37.15.tomate	86
400	manzana gb157.3 CN496860_T1	manzana	969	Sec321.MAB139.15.algodón	81
401	albaricoque gb157.2 BQ134642_T1	albaricoque	970	Sec329.MAB143.15.tomate	82
402	albaricoque gb157.2 CB822088_T1	albaricoque	971	Sec256.MAB37.15.tomate	88
403	aquilegia gb157.3 DR915383_T1	aquilegia	972	Sec321.MAB139.15.algodón	83
404	aquilegia gb157.3 DR913600_T1	aquilegia	973	Sec344.MAB152.15.uva	83
405	aquilegia gb157.3 DR920101_T1	aquilegia	974	Sec370.MAB165.15.uva	87
406	aquilegia gb157.3 DT727583_T1	aquilegia	975	Sec311.MAB134.15.cebada	80
407	aquilegia gb157.3 DR918523_T1	aquilegia	976	Sec376.MAB168.15.uva	82
408	arabidopsis gb165 AT1G67890_T2	arabidopsis	977	Sec263.MAB42.15.sorgo	80
409	arabidopsis gb165 AT1G78070_T2	arabidopsis	978	Sec207.MAB6.15.arabidopsis	97
410	arabidopsis gb165 AT1G52890_T3	arabidopsis	979	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	85
411	arabidopsis gb165 AT3G06620_T1	arabidopsis	980	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	80
412	arabidopsis gb165 AT1G67890_T1	arabidopsis	981	Sec263.MAB42.15.sorgo	80
413	arabidopsis gb165 AT5G14860_T1	arabidopsis	982	Sec341.MAB150.15.colza	80
414	arabidopsis gb165 AT5G49470_T2	arabidopsis	983	Sec263.MAB42.15.sorgo	81
415	arabidopsis gb165 AT5G49470_T1	arabidopsis	984	Sec263.MAB42.15.sorgo	81
416	arabidopsis gb165 AT3G24170_T1	arabidopsis	985	Sec376.MAB168.15.uva	80
417	arabidopsis gb165 AT1G11670_T1	arabidopsis	986	Sec229.MAB20.15.arabidopsis	84
418	arabidopsis gb165 AT3G25230_T1	arabidopsis	987	Sec370.MAB165.15.uva	80
419	arabidopsis gb165 AT4G32500T2	arabidopsis	988	Sec242.MA.B29.15.arabidopsis	81
420	arabidopsis gb165 AT5G06760_T1	arabidopsis	989	Sec373.MAB167.15.colza	84
421	arabidopsis gb165 AT4G27410_T3	arabidopsis	990	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	94
422	arabidopsis gb165 AT4G27560_T1	arabidopsis	991	Sec254.MAB36.15.arabidopsis	94
423	artemisia gb164 EY047508_T1	artemisia	992	Sec321.MAB139.15.algodón	80
424	artemisia gb164 EY060376_T1	artemisia	993	Sec376.MAB168.15.uva	85
425	artemisia gb164 EY089381_T1	artemisia	994	Sec256.MAB37.15.tomate	86
426	artemisia gb164 EY042537_T1	artemisia	995	Sec349.MAB154.15.caña de azúcar	80

Homólogos de genes de TEAB			Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:		% de Identidad Global	
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global	
427	08310737_T1	b_juncea	996	Sec360.MAB159.15.colza	97	
428	bjuncea164 EVGN084860b_juncea164 EVGN084860	b_juncea	997	Sec373.MAB167.15.colza	94	
429	b_juncea164 EVGN004299	b_juncea	998	Sec370.MAB165.15.uva	83	
430	b_juncea164 EVGN00258430752139P1_T1	b_juncea	999	Sec376.MAB168.15.uva	80	
431	b_juncea164 EVGN01568909822952_T1	b_juncea	1000	Sec373.MAB167.15.colza,	98	
432	b_oleracea161 DY029719_T1	b_oleracea	1001	Sec370.MAB165.15.uva	82	
433	b_oleracea161 AM385106	b_oleracea	1002	Sec360.MAB159.15.colza	96	
434	b_oleracea161 AM387179	b_oleracea	1003	Sec360.MAB159.15.colza	91	
435	b_oleracea161 AM061306_T1	b_oleracea	1004	Sec284.MAB100.15.arabidopsis	86	
436	b_oleracea161 AB125639_T1	b_oleracea	1005	Sec376.MAB168.15.uva	80	
437	b_rapalgb162 EE523634_T1	b_rapa	1006	Sec229.MAB20.15.arabidopsis	92	
438	b_rapalgb162 EX024909_T1	b_rapa	1007	Sec217.MAB13.15.arabidopsis	83	
439	b_rapalgb162 EX070158_T2	b_rapa	1008	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	95	
440	b_rapalgb162 CA992067_T1	b_rapa	1009	Sec360.MAB159.15.colza	94	
441	b_rapalgb162 EE520623_T1	b_rapa	1010	Sec280.MAB91.10.arabidopsis	89	
442	b_rapalgb162 CV545896_T1	b_rapa	1011	Sec208.MAB7.15.arabidopsis	88	
443	b_rapalgb162 CO749564_T1	b_rapa	1012	Sec370.MAB165.15.uva	82	
444	b_rapalgb162 CV434105_T1	b_rapa	1013	Sec217.MAB13.15.arabidopsis	83	
445	b_rapalgb162 AF008441_T1	b_rapa	1014	Sec376.MAB168.15.uva	80	
446	b_rapalgb162 EX070158_T1	b_rapa	1015	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	86	
447	b_rapalgb162 EX089727_T1	b_rapa	1016	Sec271.MAB46.15.arabidopsis	93	
448	b_rapalgb162 BG544469_T1	b_rapa	1017	Sec360.MAB159.15.colza	82	
449	b_rapalgb162 DN962625_T1	b_rapa	1018	Sec237.MAB25.15.arabidopsis	85	
450	b_rapalgb162 CV544672_T1	b_rapa	1019	Sec284.MAB100.15.arabidopsis	88	
451	cebada161 B1947678_T1	cebada	1020	Sec368.MAB164.15.cebada	92	
452	cebada161 B1947678_T1	cebada	1021	Sec257.MAB38.15.trigo	97	
453	cebada161 B1947678_T1	cebada	1022	Sec290.MAB122.15.maiz	84	
454	cebada161 B1947678_T1	cebada	1023	Sec263.MAB42.15.sorgo	81	
455	cebada161 B1947678_T1	cebada	1024	Sec221.MAB15.15.sorgo	83	
456	cebada161 B1947678_T1	cebada	1025	Sec356.MAB157.15.caña de azúcar	82	
457	albahaca161 B1947678_T1	albahaca	1026	Sec256.MAB37.15.tomate	87	
458	judia161 B1947678_T1	judia	1027	Sec376.MAB168.15.uva	80	
459	judia161 B1947678_T1	judia	1028	Sec370.MAB165.15.uva	83	
460	judia161 B1947678_T1	judia	1029	Sec368.MAB164.15.cebada	80	
461	judia161 B1947678_T1	judia	1030	Sec256.MAB37.15.tomate	88	

Homólogos de genes de TEAB			Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:		% de Identidad Global	
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global	
462	remolacha gb162 BQ592516_T1	remolacha	1031	Sec256.MAB37.15.tomate	86	
463	remolacha gb162 BQ488223_T1	remolacha	1032	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	88	
464	remolacha gb162 BQ583768_T1	remolacha	1033	Sec385.MAB173.15.cebada	85	
465	remolacha gb162 BQ591963_T1	remolacha	1034	Sec368.MAB164.15.cebada	80	
466	brachypodium gb161.xenol BE519575_T1	brachypodium	1035	Sec356.MAB157.15.caña de azúcar	85	
467	brachypodium gb161.xenol BG368321_T1	brachypodium	1036	Sec247.MAB32.15.arroz	81	
468	brachypodium gb161.xenol BE400662_T1	brachypodium	1037	Sec368.MAB164.15.cebada	95	
469	brachypodium gb161.xenol AL502884_T1	brachypodium	1038	Sec210.MAB8.15.arroz	82	
470	brachypodium gb161.xenol BY836652_T1	brachypodium	1039	Sec385.MAB173.15.cebada	90	
471	brachypodium gb161.xenol BE414917_T1	brachypodium	1040	Sec309.MAB133.15.cebada	93	
472	brachypodium gb161.xenol BF202085_T1	brachypodium	1041	Sec291.MAB123.15.cebada	83	
473	brachypodium gb161.xenol BE406378_T1	brachypodium	1042	Sec219.MAB14.15.arroz	80	
474	brachypodium gb161.xenol BE517562_T1	brachypodium	1043	Sec366.MAB163.15.cebada	85	
475	brachypodium gb161.xenol BE420294_T1	brachypodium	1044	Sec290.MAB122.15.malz	85	
476	brachypodium gb161.xenol BG369416_T1	brachypodium	1045	Sec270.MAB45.15.trigo	89	
477	brachypodium gb161.xenol BE406039_T2	brachypodium	1046	Sec241.MAB28.15.arroz	93	
478	brachypodium gb161.xenol BE418087_T1	brachypodium	1047	Sec325.MAB141.15.cebada	86	
479	brachypodium gb161.xenol BE470780_T1	brachypodium	1048	Sec221.MAB15.15.sorgo	81	
480	brachypodium gb161.xenol AV835424_T1	brachypodium	1049	Sec257.MAB38.15.trigo	93	
481	brachypodium gb161.xenol BE398656_T1	brachypodium	1050	Sec308.MAB132.15.cebada	93	
482	brachypodium gb161.xenol BE437407_T1	brachypodium	1051	Sec311.MAB134.15.cebada	98	
483	brachypodium gb161.xenol BE406039_T3	brachypodium	1052	Sec333.MAB145.15.cebada	81	
484	brachypodium gb161.xenol BE490408_T1	brachypodium	1053	Sec264.MAB42.10.sorgo	80	
485	brachypodium gb161.xenol BE403745_T1	brachypodium	1054	Sec379.MAB170.15.cebada	92	
486	brachypodium gb161.xenol BE490591_T1	brachypodium	1055	Sec366.MAB163.15.cebada	87	
487	brachypodium gb161.xenol BQ461470_T2	brachypodium	1056	Sec356.MAB157.15.caña de azúcar	85	
488	brachypodium gb161.xenol BE517562_T2	brachypodium	1057	Sec366.MAB163.15.cebada	83	
489	brachypodium gb161.xenol BE413341_T1	brachypodium	1058	Sec336.MAB147.15.tabaco	80	
490	brachypodium gb161.xenol BE515529_T1	brachypodium	1059	Sec259.MAB39.15.cebada	96	
491	brachypodium gb161.xenol DV471778_T1	brachypodium	1060	Sec348.MAB154.15.caña de azúcar	83	
492	colza gb161 EL587045_T1	colza	1061	Sec277.MAB50.15.arabidopsis	87	
493	colza gb161 CX279297_T1	colza	1062	Sec280.MAB91.10.arabidopsis	85	
494	colza gb161 CD815143_T1	colza	1063	Sec222.MAB16.15.arroz	80	
495	colza gb161 CD831036_T1	colza	1064	Sec284.MAB100.15.arabidopsis	86	
496	colza gb161 EE466962_T1	colza	1065	Sec360.MAB159.15.colza	83	
497	colza gb161 CN726580_T1	colza	1066	Sec305.MAB130.15.colza	89	

Homólogos de genes de TEAB				Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:		% de Identidad Global	
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:		% de Identidad Global	
498	colza gb161 CD829644_T1	colza	1067	Sec373.MAB167.15.colza		86	
499	colza gb161 AY245887_T1	colza	1068	Sec211.MAB9.15.arabidopsis		87	
500	colza gb161 EE411591_T1	colza	1069	Sec207.MAB6.15.arabidopsis		88	
501	colza gb161 DY020345_T1	colza	1070	Sec211.MAB9.15.arabidopsis		92	
502	colza gb161 CD820718_T1	colza	1071	Sec360.MAB159.15.colza		95	
503	colza gb161 CX189134_T1	colza	1072	Sec221.MAB15.15.sorgo		81	
504	colza gb161 EG021120_T1	colza	1073	Sec360.MAB159.15.colza		83	
505	colza gb161 ES906182_T1	colza	1074	Sec244.MAB30.15.arabidopsis		92	
506	colza gb161 ES911977_T1	colza	1075	Sec229.MAB20.15.arabidopsis		88	
507	colza gb161 CD814410_T1	colza	1076	Sec217.MAB13.15.arabidopsis		81	
508	colza gb161 ES904177_T1	colza	1077	Sec208.MAB7.15.arabidopsis		87	
509	colza gb161 CD813775_T1	colza	1078	Sec370.MAB165.15.uva		82	
510	colza gb161 CD824419_T1	colza	1079	Sec229.MAB20.15.arabidopsis		94	
511	colza gb161 CD825454_T1	colza	1080	Sec229.MAB20.15.arabidopsis		90	
512	colza gb161 CD834184_T1	colza	1081	Sec284.MAB100.15.arabidopsis		88	
513	colza gb161 EE469078_T1	colza	1082	Sec370.MAB165.15.uva		83	
514	colza gb161 GFAXJ535111X1_T1	colza	1083	Sec305.MAB130.15.colza		99	
515	colza gb161 EE448267_T1	colza	1084	Sec222.MAB16.15.arroz		80	
516	colza gb161 CX193415_T1	colza	1085	Sec237.MAB25.15.arabidopsis		85	
517	colza gb161 CD813278_T1	colza	1086	Sec375.MAB168.15.uva		80	
518	ricino gb160 MDL28401M000077_T1	ricino	1087	Sec370.MAB165.15.uva		86	
519	ricino gb160 EE258294_T1	ricino	1088	Sec256.MAB37.15.tomate		87	
520	ricino gb160 MDL28066M000021_T1	ricino	1089	Sec370.MAB165.15.uva		85	
521	ricino gb160 AM267339_T1	ricino	1090	Sec222.MAB16.15.arroz		80	
522	ricino gb160 EG659656_T1	ricino	1091	Sec376.MAB168.15.uva		83	
523	ricino gb160 EG656754_T1	ricino	1092	Sec263.MAB42.15.sorgo		82	
524	ricino gb160 EE259826_T1	ricino	1093	Sec362.MAB161.15.álamo		83	
525	ricino gb160 EG659299_T1	ricino	1094	Sec300.MAB127.15.uva		81	
526	ricino gb160 EE259565_T1	ricino	1095	Sec276.MAB49.15.maiz		80	
527	ricino gb160 EE255133_T1	ricino	1096	Sec321.MAB139.15.algodón		84	
528	ricino gb160 MDL29822M003364_T1	ricino	1097	Sec336.MAB147.15.tabaco		82	
529	ricino gb160 EG661241_T1	ricino	1098	Sec371.MAB166.15.álamo		85	
530	centaurea gb161 EH713943_T1	centaurea	1099	Sec321.MAB139.15.algodón		82	
531	centaurea gb161 EH724589_T1	centaurea	1100	Sec256.MAB37.15.tomate		84	
532	centaurea gb161 EH717520_T1	centaurea	1101	Sec329.MAB143.15.tomate		80	
533	centaurea gb161 EH711566_T1	centaurea	1102	Sec370.MAB165.15.uva		81	

Homólogos de genes de TEAB					% de Identidad Global
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipeptido SEC ID N°:	Homología con un polipeptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	
534	centaurea gb161 EH713337_T1	centaurea	1103	Sec259.MAB39.15.cebada	81
535	centaurea gb161 EH713628_T1	centaurea	1104	Sec376.MAB168.15.uva	83
536	centaurea gb161 EH738263_T1	centaurea	1105	Sec385.MAB173.15.cebada	80
537	centaurea gb161 EH727223_T1	centaurea	1106	Sec256.MAB37.15.tomate	84
538	cichorium gb161 DT212291_T1	cichorium	1107	Sec370.MAB165.15.uva	80
539	cichorium gb161 DT211081_T1	cichorium	1108	Sec376.MAB168.15.uva	83
540	cichorium gb161 EH692437_T1	cichorium	1109	Sec256.MAB37.15.tomate	86
541	cichorium gb161 DT212218_T1	cichorium	1110	Sec256.MAB37.15.tomate	89
542	citrus gb157.2 CB290836_T1	citrus	1111	Sec376.MAB168.15.uva	85
543	citrus gb157.2 BQ624861_T1	citrus	1112	Sec276.MAB49.15.maiz	82
544	citrus gb157.2 BQ624727_T1	citrus	1113	Sec370.MAB165.15.uva	85
545	citrus gb157.2 CB290836_T2	citrus	1114	Sec376.MAB168.15.uva	86
546	citrus gb157.2 CX672218_T2	citrus	1115	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	83
547	citrus gb157.2 CF504250_T1	citrus	1116	Sec222.MAB16.15.arroz	82
548	citrus gb157.2 CK933948_T1	citrus	1117	Sec256.MAB37.15.tomate	86
549	trébol gb162 BB926896_T1	trébol	1118	Sec256.MAB37.15.tomate	82
550	trébol gb162 BB904696_T1	trébol	1119	Sec263.MAB42.15.sorgo	84
551	coffea gb157.2 DV676382_T1	coffea	1120	Sec256.MAB37.15.tomate	91
552	coffea gb157.2 DV688680_T1	coffea	1121	Sec332.MAB144.15.uva	83
553	coffea gb157.2 DQ124044_T1	coffea	1122	Sec303.MAB129.15.tomate	80
554	algodón gb164 BF268276_T1	algodón	1123	Sec370.MAB165.15.uva	84
555	algodón gb164 CO113031_T1	algodón	1124	Sec319.MAB138.15.patata	80
556	algodón gb164 AI730186_T1	algodón	1125	Sec256.MAB37.15.tomate	81
557	algodón gb164 CO103100_T1	algodón	1126	Sec256.MAB37.15.tomate	86
558	algodón gb164 BE051970_T1	algodón	1127	Sec370.MAB165.15.uva	84
559	algodón gb164 AI725698_T1	algodón	1128	Sec376.MAB168.15.uva	85
560	algodón gb164 AI728290_T1	algodón	1129	Sec370.MAB165.15.uva	82
561	algodón gb164 AI055482_T1	algodón	1130	Sec370.MAB165.15.uva	85
562	algodón gb164 ES794517_T1	algodón	1131	Sec327.MAB142.15.algodón	81
563	algodón gb164 BF268276_T2	algodón	1132	Sec370.MAB165.15.uva	84
564	algodón gb164 CO109448_T1	algodón	1133	Sec376.MAB168.15.uva	83
565	algodón gb164 DT459182_T1	algodón	1134	Sec375.MAB168.15.uva	84
566	algodón gb164 BG441162_T1	algodón	1135	Sec256.MAB37.15.tomate	85
567	guisante pinto gb165 FF390508_T1	guisante pinto	1136	Sec256.MAB37.15.tomate	84
568	guisante pinto gb165 FF390203_T1	guisante pinto	1137	Sec259.MAB39.15.cebada	86
569	guisante pinto gb165 DQ267475_T1	guisante pinto	1138	Sec376.MAB168.15.uva	83

Homólogos de genes de TEAB					% de Identidad Global
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	
570	guisante pinto gb165 FF382851_T1	guisante pinto	1139	Sec224.MAB17.15 soja	89
571	guisante pinto gb165 FF394009_T1	guisante pinto	1140	Sec370.MAB165.15.uva	85
572	diente de león gb16 DQ160099_T1	diente de león	1141	Sec376.MAB168.15.uva	82
573	diente de león gb16 DY823013_T1	diente de león	1142	Sec256.MAB37.15.tomate	82
574	diente de león gb16 DY820394_T12	diente de león	1143	Sec256.MAB37.15.tomate	88
575	diente de león gb16 DY813450_T12	diente de león	1144	Sec256.MAB37.15.tomate	85
576	diente de león gb16 DY820394_T	diente de león	1145	Sec256.MAB37.15.tomate	87
577	festuca gb16 DT687914_T1	festuca	1146	Sec290.MAB122.15.maiz	93
578	festuca gb16 DT702477_T1	festuca	1147	Sec291.MAB123.15.cebada	87
579	festuca gb16 DT705881_T1	festuca	1148	Sec311.MAB134.15.cebada	96
580	festuca gb16 DT682501_T1	festuca	1149	Sec321.MAB139.15.algodón	82
581	festuca gb16 DT699000_T1	festuca	1150	Sec309.MAB133.15.cebada	90
582	festuca gb16 DT706685_T1	festuca	1151	Sec259.MAB39.15.cebada	96
583	festuca gb16 DT698326_T1	festuca	1152	Sec368.MAB164.15.cebada	95
584	festuca gb16 DT677453_T1	festuca	1153	Sec379.MAB170.15.cebada	95
585	festuca gb16 DT674734_T1	festuca	1154	Sec333.MAB145.15.cebada	88
586	jengibre gb164 DY377113_T1	jengibre	1155	Sec223.MAB16.15.arroz	81
587	uva gb160 BQ792651_T1	uva	1156	Sec222.MAB16.15.arroz	84
588	uva gb160 BQ793581_T1	uva	1157	Sec371.MAB166.15.álamo	80
589	planta de hiel gb164 BM658279_T1	planta de hielo	1158	Sec376.MAB168.15.uva	83
590	planta de hiel gb164 BE034140_T1	planta de hielo	1159	Sec303.MAB129.15.tomate	81
591	ipomea gb157.2 AU224303_T1	ipomea	1160	Sec256.MAB37.15.tomate	91
592	ipomea gb157.2 AU224807_T1	ipomea	1161	Sec385.MAB173.15.cebada	80
593	ipomea gb157.2 CJ758382_T1	ipomea	1162	Sec371.MAB166.15.álamo	83
594	lechuga gb157.2 DW048067_T1	lechuga	1163	Sec256.MAB37.15.tomate	87
595	lechuga gb157.2 DW046482_T1	lechuga	1164	Sec256.MAB37.15.tomate	85
596	lechuga gb157.2 DW062524_T1	lechuga	1165	Sec259.MAB39.15.cebada	81
597	lechuga gb157.2 DW048641_T1	lechuga	1166	Sec370.MAB165.15.uva	80
598	lechuga gb157.2 DW055618_T1	lechuga	1167	Sec371.MAB166.15.álamo	80
599	lechuga gb157.2 DY961700_T2	lechuga	1168	Sec211.MAB99.15.arabidopsis	83
600	lechuga gb157.2 DW075962_T1	lechuga	1169	Sec256.MAB37.15.tomate	87
601	lechuga gb157.2 DW047202_T1	lechuga	1170	Sec376.MAB168.15.uva	83
602	lotus gb157.2 BF177835_T1	lotus	1171	Sec256.MAB37.15.tomate	90
603	lotus gb157.2 BW601503_T1	lotus	1172	Sec211.MAB99.15.arabidopsis	84
604	maiz gb164 T15319_T2	maiz	1173	Sec276.MAB49.15.maiz	96
605	maiz gb164 A649734_T1	maiz	1174	Sec264.MAB42.10.sorgo	90

Homólogos de genes de TEAB					% de Identidad Global
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipeptido SEC ID N°:	Homología con un polipeptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	
606	maiz gb164 BE638692_T1	maiz	1175	Sec228.MAB19.15.sorgo	88
607	maiz gb164 AVW498283_T1	maiz	1176	Sec210.MAB8.15.arroz	80
608	maiz gb164 A622375_T1	maiz	1177	Sec309.MAB133.15.cebada	90
609	maiz gb164 BQ034409_T1	maiz	1178	Sec290.MAB122.15.maiz	100
610	maiz gb164 EC895235_T1	maiz	1179	Sec210.MAB8.15.arroz	86
611	maiz gb164 A1947795_T2	maiz	1180	Sec325.MAB141.15.cebada	80
612	maiz gb164 A1947974_T1	maiz	1181	Sec227.MAB19.15.sorgo	93
613	maiz gb164 A1619086_T1	maiz	1182	Sec346.MAB163.15.caña de azúcar	95
614	maiz gb164 AA143925_T1	maiz	1183	Sec221.MAB15.15.sorgo	94
615	maiz gb164 AW179463_T1	maiz	1184	Sec321.MAB139.15.algodón	82
616	maiz gb164 BE051802_T1	maiz	1185	Sec231.MAB21.15.arroz	89
617	maiz gb164 A1942091_T1	maiz	1186	Sec309.MAB133.15.cebada	89
618	maiz gb164 A1944064_T1	maiz	1187	Sec383.MAB172.15.caña de azúcar	96
619	maiz gb164 T15319_T1	maiz	1188	Sec276.MAB49.15.maiz	96
620	maiz gb164 A1782993_T1	maiz	1189	Sec241.MAB28.15.arroz	82
621	maiz gb164 T26945_T1	maiz	1190	Sec370.MAB165.15.uva	80
622	maiz gb164 A1941749_T1	maiz	1191	Sec269.MAB45.15.trigo	91
623	maiz gb164 A1891255_T1	maiz	1192	Sec311.MAB134.15.cebada	95
624	maiz gb164 CD975046_T1	maiz	1193	Sec203.MAB3.15.arroz	88
625	maiz gb164 AV360563_T1	maiz	1194	Sec241.MAB28.15.arroz	81
626	maiz gb164 A1901860_T1	maiz	1195	Sec259.MAB39.15.cebada	85
627	maiz gb164 A1948098_T1	maiz	1196	Sec381.MAB171.15.caña de azúcar	95
628	maiz gb164 A1444730_T1	maiz	1197	Sec241.MAB28.15.arroz	83
629	maiz gb164 AW216308_T1	maiz	1198	Sec288.MAB121.15.caña de azúcar	89
630	maiz gb164 BM268089_T1	maiz	1199	Sec381.MAB171.15.caña de azúcar	92
631	maiz gb164 A1438597_T1	maiz	1200	Sec352.MAB155.15.sorgo	91
632	maiz gb164 AV927739_T1	maiz	1201	Sec350.MAB154.15.caña de azúcar	97
633	maiz gb164 A1891255_T2	maiz	1202	Sec311.MAB134.15.cebada	95
634	maiz gb164 A1920760_T1	maiz	1203	Sec286.MAB104.15.arroz	89
635	medicagolgb157.2 A1974487_T1	medicago	1204	Sec370.MAB165.15.uva	87
636	medicagolgb157.2 BE325770_T1	medicago	1205	Sec256.MAB37.15.tomate	88
637	medicagolgb157.2 AW685603_T1	medicago	1206	Sec376.MAB168.15.uva	82
638	medicagolgb157.2 AL368329_T1	medicago	1207	Sec311.MAB134.15.cebada	80
639	medicagolgb157.2 AW688497_T1	medicago	1208	Sec370.MAB165.15.uva	80
640	medicagolgb157.2 AL377093_T1	medicago	1209	Sec224.MAB17.15 soja	80
641	medicagolgb157.2 A1974241_T1	medicago	1210	Sec334.MAB146.15.tomate	83

Homólogos de genes de TEAB					% de Identidad Global
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	
642	medicagolgb157.2 BF632135_T1	medicago	1211	Sec344.MAB152.15.uva	85
643	melónlgb165 DV633691_T1	melón	1212	Sec376.MAB168.15.graph	80
644	melónlgb165 DV632564_T1	melón	1213	Sec368.MAB164.15.cebada	80
645	melónlgb165 DV633584_T1	melón	1214	Sec344.MAB152.15.uva	86
646	melónlgb165 AM714958_T1	melón	1215	Sec259.MAB39.15.cebada	81
647	nicotiana_benthamlgb162 EH364164_T1	nicotiana_benthamiana	1216	Sec256.MAB37.15.tomate	95
648	avenalgb164 CN816769_T1	avena	1217	Sec368.MAB164.15.cebada	94
649	avenalgb164 BE439108_T1	avena	1218	Sec312.MAB134.10.cebada	85
650	cebollalgb162 CF437899_T1	cebolla	1219	Sec256.MAB37.15.tomate	81
651	cebollalgb162 CF43716_T1	cebolla	1220	Sec276.MAB49.15.maiz	82
652	cebollalgb162 CF439314_T1	cebolla	1221	Sec370.MAB165.15.uva	80
653	papayalgb165 EX245596_T1	papaya	1222	Sec370.MAB165.15.uva	88
654	papayalgb165 EX299345_T1	papaya	1223	Sec263.MAB42.15.sorgo	82
655	papayalgb165 EX248971_T1	papaya	1224	Sec362.MAB161.15.álamo	86
656	papayalgb165 EX227965_T1	papaya	1225	Sec332.MAB144.15.uva	83
657	papayalgb165 EX264060_T1	papaya	1226	Sec376.MAB168.15.uva	89
658	papayalgb165 EX291966_T1	papaya	1227	Sec370.MAB165.15.uva	82
659	melocotónlgb157.2 BU039922_T1	melocotón	1228	Sec300.MAB127.15.uva	82
660	melocotónlgb157.2 BU039373_T1	melocotón	1229	Sec370.MAB165.15.uva	83
661	melocotónlgb157.2 AJ631618_T1	melocotón	1230	Sec276.MAB49.15.maiz	80
662	melocotónlgb157.2 BU040470_T1	melocotón	1231	Sec376.MAB168.15.uva	89
663	melocotónlgb157.2 BU039381_T1	melocotón	1232	Sec256.MAB37.15.tomate	88
664	cacahuete gb161 ES754023_T1	cacahuete	1233	Sec332.MAB144.15.uva	80
665	cacahuete gb161 EH043199_T1	cacahuete	1234	Sec256.MAB37.15.tomate	88
666	pimiento gb157.2 BM063531_T1	pimiento	1235	Sec256.MAB37.15.tomate	96
667	pimiento gb157.2 BM062846_T1	pimiento	1236	Sec221.MAB15.15.sorgo	82
668	pimiento gb157.2 BM061776_T1	pimiento	1237	Sec329.MAB143.15.tomate	90
669	pimiento gb157.2 BM064151_T1	pimiento	1238	Sec306.MAB131.15.tomate	88
670	pimiento gb157.2 BM061313_T1	pimiento	1239	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	86
671	pimiento gb157.2 BI480604_T1	pimiento	1240	Sec276.MAB49.15.maiz	80
672	vincapervincalgb164 EG559012_T1	vincapervinca	1241	Sec259.MAB39.15.cebada	80
673	petunialgb157.2 CV292753_T1	petunia	1242	Sec263.MAB42.15.sorgo	80
674	petunialgb157.2 CV298220_T1	petunia	1243	Sec283.MAB99.15.tomate	81
675	pino gb157.2 DR088714_T1	pino	1244	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	80
676	pino gb157.2 AW290504_T1	pino	1245	Sec344.MAB152.15.uva	82
677	piñalgb157.2 CO731309_T1	piña	1246	Sec222.MAB16.15.arroz	83

Homólogos de genes de TEAB					
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
678	piñalgb157.2 DT336648_T1	piña	1247	Sec376.MAB168.15.uva	81
679	piñalgb157.2 CO731994_T1	piña	1248	Sec219.MAB14.15.arroz	80
680	álamo gb157.2 AI162293_T1	álamo	1249	Sec298.MAB126.15.uva	82
681	álamo gb157.2 AI165439_T1	álamo	1250	Sec298.MAB126.15.uva	80
682	álamo gb157.2 AI162293_T3	álamo	1251	Sec298.MAB126.15.uva	80
683	álamo gb157.2 BI120274_T3	álamo	1252	Sec256.MAB37.15.tomate	81
684	álamo gb157.2 BI120274_T2	álamo	1253	Sec344.MAB152.15.uva	89
685	álamo gb157.2 BF299457_T1	álamo	1254	Sec370.MAB165.15.uva	85
686	álamo gb157.2 BI120274_T1	álamo	1255	Sec344.MAB152.15.uva	86
687	álamo gb157.2 BI122516_T1	álamo	1256	Sec362.MAB161.15.álamo	90
688	álamo gb157.2 BU821689_T1	álamo	1257	Sec321.MAB139.15.algodón	81
689	álamo gb157.2 AI166955_T1	álamo	1258	Sec344.MAB152.15.uva	87
690	álamo gb157.2 BI069450_T1	álamo	1259	Sec376.MAB168.15.uva	85
691	patata gb157.2 BG594910_T1	patata	1260	Sec370.MAB165.15.uva	82
692	patata gb157.2 AJ487418_T1	patata	1261	Sec321.MAB139.15.algodón	82
693	patata gb157.2 BQ516076_T2	patata	1262	Sec389.MAB175.15.tomate	97
694	patata gb157.2 BE921143_T1	patata	1263	Sec349.MAB154.15.caña de azúcar	80
695	patata gb157.2 BG592541_T1	patata	1264	Sec256.MAB37.15.tomate	90
696	patata gb157.2 BF052848_T1	patata	1265	Sec321.MAB139.15.algodón	81
697	patata gb157.2 BF460150_T1	patata	1266	Sec370.MAB165.15.uva	84
698	patata gb157.2 BG097985_T1	patata	1267	Sec303.MAB129.15.tomate	91
699	patata gb157.2 BE923564_T1	patata	1268	Sec342.MAB151.15.patata	90
700	patata gb157.2 X86021_T1	patata	1269	Sec334.MAB146.15.tomate	97
701	patata gb157.2 BG594768_T1	patata	1270	Sec329.MAB143.15.tomate	97
702	patata gb157.2 BF154203_T1	patata	1271	Sec256.MAB37.15.tomate	98
703	patata gb157.2 BE344306_T1	patata	1272	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	82
704	patata gb157.2 BF460309_T1	patata	1273	Sec329.MAB143.15.tomate	98
705	patata gb157.2 BQ516076_T1	patata	1274	Sec390.MAB175.15.tomate	96
706	patata gb157.2 BI176616_T1	patata	1275	Sec256.MAB37.15.tomate	88
707	patata gb157.2 BQ117692_T1	patata	1276	Sec354.MAB156.15.tabaco	86
708	patata gb157.2 AJ487418_T2	patata	1277	Sec321.MAB139.15.algodón	81
709	patata gb157.2 BG351229_T1	patata	1278	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	81
710	patata gb157.2 AJ487418_T3	patata	1279	Sec321.MAB139.15.algodón	84
711	patata gb157.2 BF154154_T1	patata	1280	Sec256.MAB37.15.tomate	99
712	rábano gb164 EY895633_T1	rábano	1281	Sec373.MAB167.15.colza	93
713	rábano gb164 EX772944_T1	rábano	1282	Sec356.MAB157.15.caña de azúcar	83

Homólogos de genes de TEAB					
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
714	rábano gb164 EW725846_T1	rábano	1283	Sec237.MAB25.15.arabidopsis	84
715	rábano gb164 EV527306_T1	rábano	1284	Sec229.MAB20.15.arabidopsis	94
716	rábano gb164 EV565850_T1	rábano	1285	Sec277.MAB50.15.arabidopsis	90
717	rábano gb164 EX772722_T1	rábano	1286	Sec360.MAB159.15.colza	88
718	rábano gb164 EX775718_T1	rábano	1287	Sec376.MAB168.15.uva	81
719	rábano gb164 EV535278_T1	rábano	1288	Sec360.MAB159.15.colza	81
720	rábano gb164 EV565334_T1	rábano	1289	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	91
721	rábano gb164 EV528083_T1	rábano	1290	Sec252.MAB35.15.arabidopsis	80
722	rábano gb164 T25168_T1	rábano	1291	Sec376.MAB168.15.uva	80
723	rábano gb164 EV544010_T1	rábano	1292	Sec229.MAB20.15.arabidopsis	91
724	rábano gb164 EW713752_T1	rábano	1293	Sec373.MAB167.15.colza	86
725	rábano gb164 EV568565_T1	rábano	1294	Sec284.MAB100.15.arabidopsis	88
726	rábano gb164 EV543867_T1	rábano	1295	Sec373.MAB167.15.colza	88
727	rábano gb164 EX770974_T1	rábano	1296	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	85
728	rábano gb164 EV566819_T1	rábano	1297	Sec217.MAB13.15.arabidopsis	81
729	arroz gb157.2 NM001059403_T1	arroz	1298	Sec261.MAB40.15.arroz	84
730	arroz gb157.2 C28755_T1	arroz	1299	Sec321.MAB139.15.algodón	80
731	arroz gb157.2 AA750806_T1	arroz	1300	Sec290.MAB122.15.maiz	83
732	arroz gb157.2 AA751345_T1	arroz	1301	Sec321.MAB139.15.algodón	80
733	arroz gb157.2 BE040195_T6	arroz	1302	Sec346.MAB153.15.caña de azúcar	95
734	arroz gb157.2 BI118752_T1	arroz	1303	Sec276.MAB49.15.maiz	94
735	arroz gb157.2 AW070148_T1	arroz	1304	Sec350.MAB154.15.caña de azúcar	87
736	arroz gb157.2 AW069929_T1	arroz	1305	Sec309.MAB133.15.cebada	93
737	arroz gb157.2 AW070094_T1	arroz	1306	Sec274.MAB48.15.arroz	83
738	arroz gb157.2 AA753115_T4	arroz	1307	Sec259.MAB39.15.cebada	90
739	arroz gb157.2 BI795037_T4	arroz	1308	Sec385.MAB173.15.cebada	100
740	arroz gb157.2 AU092454_T1	arroz	1309	Sec274.MAB48.15.arroz	100
741	arroz gb157.2 AA753115_T3	arroz	1310	Sec259.MAB39.15.cebada	91
742	arroz gb157.2 BE040195_T1	arroz	1311	Sec346.MAB153.15.caña de azúcar	91
743	arroz gb157.2 CB624284_T1	arroz	1312	Sec264.MAB42.10.sorgo	82
744	arroz gb157.2 AU030125_T3	arroz	1313	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	88
745	arroz gb157.2 AU164313_T1	arroz	1314	Sec270.MAB45.15.trigo	84
746	arroz gb157.2 BI799463_T1	arroz	1315	Sec221.MAB15.15.sorgo	85
747	arroz gb157.2 AW070094_T3	arroz	1316	Sec274.MAB48.15.arroz	80
748	arroz gb157.2 AA753115_T1	arroz	1317	Sec259.MAB39.15.cebada	91
749	arroz gb157.2 AU093322_T2	arroz	1318	Sec228.MAB19.15.sorgo	85

Homólogos de genes de TEAB					
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
750	arroz gb157.2 AU030125_T1	arroz	1319	Sec263.MAB42.15.sorgo	80
751	arroz gb157.2 AA752703_T1	arroz	1320	Sec295.MAB125.15.rick	88
752	arroz gb157.2 NM001067464_T1	arroz	1321	Sec205.MAB4.15.arroz	93
753	arroz gb157.2 NM001052309_T1	arroz	1322	Sec295.MAB125.15.arroz	91
754	arroz gb157.2 CA763128_T2	arroz	1323	Sec219.MAB14.15.arroz	80
755	arroz gb157.2 AW070148_T2	arroz	1324	Sec348.MAB154.15.caña de azúcar	87
756	arroz gb157.2 AU093322_T1	arroz	1325	Sec228.MAB19.15.sorgo	86
757	arroz gb157.2 AA753115_T5	arroz	1326	Sec259.MAB39.15.cebada	94
758	arroz gb157.2 AU030125_T4	arroz	1327	Sec263.MAB42.15.sorgo	80
759	centeno gb164 BF429408_T1	centeno	1328	Sec309.MAB133.15.cebada	97
760	rye gb164 BE494847_T1	centeno	1329	Sec368.MAB164.15.cebada	97
761	cartamo gb162 EL373402_T1	cartamo	1330	Sec376.MAB168.15.uva	81
762	cartamo gb162 EL374175_T1	cartamo	1331	Sec259.MAB39.15.cebada	83
763	cartamo gb162 EL377332_T1	cartamo	1332	Sec385.MAB173.15.cebada	81
764	cartamo gb162 EL373487_T1	cartamo	1333	Sec263.MAB42.15.sorgo	80
765	cartamo gb162 EL374095_T1	cartamo	1334	Sec256.MAB37.15.tomate	86
766	cartamo gb162 EL382051_T1	cartamo	1335	Sec256.MAB37.15.tomate	86
767	cartamo gb162 EL409148_T1	cartamo	1336	Sec385.MAB173.15.cebada	80
768	sorgo gb161.xeno AW224927_T1	sorgo	1337	Sec288.MAB121.15.caña de azúcar	94
769	sorgo gb161.xeno T26945_T2	sorgo	1338	Sec370.MAB165.15.uva	81
770	sorgo gb161.xeno AI932179T3	sorgo	1339	Sec286.MAB104.15.arroz	91
771	sorgo gb161.xeno T15319_T1	sorgo	1340	Sec276.MAB49.15.maiz	97
772	sorgo gb161.xeno AI615215T1	sorgo	1341	Sec248.MAB33.15.maiz	92
773	sorgo gb161.xeno BG102066_T2	sorgo	1342	Sec290.MAB122.15.maiz	90
774	sorgo gb161.xeno AW672419T2	sorgo	1343	Sec276.MAB49.15.maiz	97
775	sorgo gb161.xeno AW672419_T3	sorgo	1344	Sec276.MAB49.15.maiz	95
776	sorgo gb161.xeno AI901860_T1	sorgo	1345	Sec259.MAB39.15.cebada	84
777	sorgo gb161.xeno AI621995_T3	sorgo	1346	Sec384.MAB1712.15.caña de azúcar	97
778	sorgo gb161.xeno AI881418_T2	sorgo	1347	Sec264.MAB42.10.sorgo	100
779	sorgo gb161.xeno AI891255_T1	sorgo	1348	Sec311.MAB134.15.cebada	95
780	sorgo gb161.xeno AI782993_T1	sorgo	1349	Sec241.MAB28.15.arroz	84
781	sorgo gb161.xeno AI724629_T1	sorgo	1350	Sec350.MAB154.15.caña de azúcar	99
782	sorgo gb161.xeno AA143925_T1	sorgo	1351	Sec221.MAB15.15.sorgo	100
783	sorgo gb161.xeno AI621995_T2	sorgo	1352	Sec383.MAB172.15.caña de azúcar	99
784	sorgo gb161.xeno T26945_T1	sorgo	1353	Sec370.MAB165.15.uva	81
785	sorgo gb161.xeno AW179463_T1	sorgo	1354	Sec321.MAB139.15.algodón	80

Homólogos de genes de TEAB			Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:		% de Identidad Global	
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global	
786	sorgolgb161.xeno ZMU90944_T2	sorgo	1355	Sec367.MAB163.15.cebada	80	
787	sorgolgb161.xeno T15319_T2	sorgo	1356	Sec276.MAB49.15.maiz	95	
788	sorgolgb161.xeno A1621995_T1	sorgo	1357	Sec383.MAB172.15.caña de azúcar	99	
789	sorgolgb161.xeno A1932179_T1	sorgo	1358	Sec286.MAB104.15.arroz	90	
790	sorgolgb161.xeno A1621995_T4	sorgo	1359	Sec383.MAB172.15.caña de azúcar	99	
791	sorgolgb161.xeno ZMU90944_T3	sorgo	1360	Sec367.MAB163.15.cebada	80	
792	sorgolgb161.xeno A1665229_T2	sorgo	1361	Sec346.MAB153.15.caña de azúcar	96	
793	sorgolgb161.xeno A1939836_T1	sorgo	1362	Sec309.MAB133.15.cebada	92	
794	sorgolgb161.xeno B1099088_T1	sorgo	1363	Sec270.MAB45.15.trigo	83	
795	sorgolgb161.xeno A1665229_T1	sorgo	1364	Sec346.MAB153.15.caña de azúcar	96	
796	sorgolgb161.xeno AW672419_T1	sorgo	1365	Sec276.MAB49.15.maiz	97	
797	sorgolgb161.xeno AW498283_T1	sorgo	1366	Sec210.MAB8.15.arroz	83	
798	sorgolgb161.xeno AW923775T1	sorgo	1367	Sec231.MAB21.15.arroz	88	
799	sorgolgb161.xeno T15319_T3	sorgo	1368	Sec276.MAB49.15.maiz	85	
800	sojalgb162 BG839539_T1	soja	1369	Sec368.MAB164.15.cebada	80	
801	sojalgb162 CA783290_T1	soja	1370	Sec259.MAB39.15.cebada	81	
802	sojalgb162 BU551043_T1	soja	1371	Sec256.MAB37.15.tomate	88	
803	sojalgb162 EV282184_T1	soja	1372	Sec371.MAB166.15.álamo	82	
804	sojalgb162 BI967468_T1	soja	1373	Sec368.MAB164.15.cebada	80	
805	sojalgb162 BI321879_T1	soja	1374	Sec259.MAB39.15.cebada	81	
806	sojalgb162 AW132704_T1	soja	1375	Sec256.MAB37.15.tomate	90	
807	sojalgb162 BU764498_T1	soja	1376	Sec256.MAB37.15.tomate	86	
808	sojalgb162 CA953156_T1	soja	1377	Sec298.MAB126.15.uva	80	
809	sojalgb162 CF922618_T1	soja	1378	Sec259.MAB39.15.cebada	84	
810	sojalgb162 BU544425_T1	soja	1379	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	81	
811	sojalgb162 BU765332_T1	soja	1380	Sec233.MAB22.15.tomate	80	
812	sojalgb162 CA936077_T1	soja	1381	Sec376.MAB168.15.uva	83	
813	sojalgb162 BE823013_T1	soja	1382	Sec376.MAB168.15.uva	83	
814	sojalgb162 CD417415_T1	soja	1383	Sec370.MAB165.15.uva	85	
815	sojalgb162 BE660691_T1	soja	1384	Sec362.MAB161.15.álamo	81	
816	sojalgb162 CD395628_T1	soja	1385	Sec370.MAB165.15.uva	82	
817	sojalgb162 BU549206_T2	soja	1386	Sec259.MAB39.15.cebada	80	
818	sojalgb162 AW351120_T1	soja	1387	Sec298.MAB126.15.uva	82	
819	sojalgb162 AW132704_T2	soja	1388	Sec256.MAB37.15.tomate	90	
820	sojalgb162 BE584244_T1	soja	1389	Sec256.MAB37.15.tomate	91	
821	abeto gb162 CO234968_T1	abeto	1390	Sec344.MAB152.15.uva	83	

Homólogos de genes de TEAB					
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
822	euforbi gb161 DV146052_T1	euforbia	1391	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	81
823	euforbi gb161 DV127024_T1	euforbia	1392	Sec344.MAB152.15.uva	83
824	euforbi gb161 DV124157_T1	euforbia	1393	Sec376.MAB168.15.uva	85
825	fresa gb164 EX683450_T1	fresa	1394	Sec348.MAB154.15.caña de azúcar	81
826	fresa gb164 EX683265_T1	fresa	1395	Sec370.MAB165.15.uva	81
827	fresa gb164 DY675409_T1	fresa	1396	Sec256.MAB37.15.tomate	81
828	caña de azúcar gb157.2 CA115287_T1	caña de azúcar	1397	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	88
829	caña de azúcar gb157.2 CA216001_T1	caña de azúcar	1398	Sec259.MAB39.15.cebada	85
830	caña de azúcar gb157.2 CA072819_T1	caña de azúcar	1399	Sec241.MAB28.15.arroz	83
831	caña de azúcar gb157.2 CA125036_T1	caña de azúcar	1400	Sec291.MAB123.15.cebada	82
832	caña de azúcar gb157.2 CA071646_T1	caña de azúcar	1401	Sec286.MAB104.15.arroz	90
833	caña de azúcar gb157.2 CA117936T2	caña de azúcar	1402	Sec228.MAB19.15.sorgo	93
834	caña de azúcar gb157.2 BQ537163_T1	caña de azúcar	1403	Sec276.MAB49.15.maiz	96
835	caña de azúcar gb157.2 CA074253_T1	caña de azúcar	1404	Sec241.MAB28.15.arroz	83
836	caña de azúcar gb157.2 CA102030_T1	caña de azúcar	1405	Sec385.MAB173.15.cebada	85
837	caña de azúcar gb157.2 CA068084_T1	caña de azúcar	1406	Sec366.MAB163.15.cebada	80
838	caña de azúcar gb157.2 CA233048_T1	caña de azúcar	1407	Sec290.MAB122.15.maiz	80
839	caña de azúcar gb157.2 CA090429_T1	caña de azúcar	1408	Sec288.MAB121.15.caña de azúcar	95
840	caña de azúcar gb157.2 CA095299_T1	caña de azúcar	1409	Sec370.MAB165.15.uva	80
841	caña de azúcar gb157.2 BQ533298_T1	caña de azúcar	1410	Sec311.MAB134.15.cebada	95
842	caña de azúcar gb157.2 CA107649_T1	caña de azúcar	1411	Sec248.MAB33.15.maiz	90
843	caña de azúcar gb157.2 BQ536274_T1	caña de azúcar	1412	Sec231.MAB21.15.arroz	88
844	caña de azúcar gb157.2 CA117936_T1	caña de azúcar	1413	Sec228.MAB19.15.sorgo	94
845	caña de azúcar gb157.2 BQ533234_T1	caña de azúcar	1414	Sec221.MAB15.15.sorgo	99
846	caña de azúcar gb157.2 CA072307_T1	caña de azúcar	1415	Sec309.MAB133.15.cebada	93
847	caña de azúcar gb157.2 CA073476_T1	caña de azúcar	1416	Sec290.MAB122.15.maiz	91
848	caña de azúcar gb157.2 CA065809T1	caña de azúcar	1417	Sec366.MAB163.15.cebada	80
849	caña de azúcar gb157.2 CA072307_T2	caña de azúcar	1418	Sec309.MAB133.15.cebada	93
850	girasol gb162 DY909111_T1	girasol	1419	Sec336.MAB147.15.tabaco	83
851	girasol gb162 DY941035_T1	girasol	1420	Sec376.MAB168.15.uva	82
852	girasol gb162 CD857487_T1	girasol	1421	Sec370.MAB165.15.uva	81
853	girasol gb162 DY942252_T1	girasol	1422	Sec311.MAB134.15.cebada	80
854	girasol gb162 CD850784_T1	girasol	1423	Sec256.MAB37.15.tomate	83
855	girasol gb162 BQ968872_T1	girasol	1424	Sec357.MAB57.15.caña de azúcar	83
856	girasol gb162 EE616266_T1	girasol	1425	Sec256.MAB37.15.tomate	84
857	girasol gb162 EE641694_T1	girasol	1426	Sec256.MAB37.15.tomate	84

Homólogos de genes de TEAB			Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:		% de Identidad Global
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:		
858	girasol gb162 DY924220_T1	girasol	1427	Sec259.MAB39.15.cebada	81
859	girasol gb162 DY910907_T1	girasol	1428	Sec370.MAB165.15.uva	80
860	girasol gb162 AY029172_T1	girasol	1429	Sec321.MAB139.15.algodón	81
861	girasol gb162 DY909077_T1	girasol	1430	Sec321.MAB139.15.algodón	80
862	girasol gb162 DY921635_T1	girasol	1431	Sec376.MAB168.15.uva	83
863	girasol gb162 DY913894_T1	girasol	1432	Sec256.MAB37.15.tomate	82
864	césped de pradera gb165 FE608718	césped de pradera	1433	Sec370.MAB165.15.uva	81
865	césped de pradera gb165 FE624581_T1	césped de pradera	1434	Sec333.MAB145.15.cebada	87
866	césped de pradera gb165 FE604798_T1	césped de pradera	1435	Sec289.MAB45.15.trigo	90
867	césped de pradera gb165 DN151012_T1	césped de pradera	1436	Sec309.MAB133.15.cebada	90
868	césped de pradera gb165 FE619903_T1	césped de pradera	1437	Sec383.MAB172.15.caña de azúcar	95
869	césped de pradera gb165 DN144676_T1	césped de pradera	1438	Sec385.MAB173.15.cebada	87
870	césped de pradera gb165 FE609872_T1	césped de pradera	1439	Sec228.MAB19.15.sorgo	89
871	césped de pradera gb165 FE617860_T1	césped de pradera	1440	Sec381.MAB171.15.caña de azúcar	88
872	césped de pradera gb165 DN145750_T1	césped de pradera	1441	Sec221.MAB15.15.sorgo	95
873	césped de pradera gb165 FE597811_T1	césped de pradera	1442	Sec248.MAB33.15.maiz	83
874	césped de pradera gb165 FE647199_T1	césped de pradera	1443	Sec381.MAB171.15.caña de azúcar	90
875	césped de pradera gb165 DN145034_T1	césped de pradera	1444	Sec276.MAB49.15.maiz	95
876	césped de pradera gb165 FE617335_T1	césped de pradera	1445	Sec286.MAB104.15.arroz	91
877	césped de pradera gb165 FE597809_T1	césped de pradera	1446	Sec350.MAB154.15.caña de azúcar	95
878	césped de pradera gb165 FE597811_T2	césped de pradera	1447	Sec248.MAB33.15.maiz	85
879	césped de pradera gb165 FE635691_T1	césped de pradera	1448	Sec311.MAB134.15.cebada	95
880	césped de pradera gb165 FE653022	césped de pradera	1449	Sec385.MAB173.15.cebada	83
881	césped de pradera gb165 DN144793_T1	césped de pradera	1450	Sec259.MAB39.15.cebada	90
882	césped de pradera gb165 FE641674_T1	césped de pradera	1451	Sec309.MAB133.15.cebada	89
883	thellungiella gb157.2 DN775606_T1	thellungiella	1452	Sec212.MAB10.15.arabidopsis	82
884	thellungiella gb157.2 DN773228_T1	thellungiella	1453	Sec211.MAB9.15.arabidopsis	98
885	thellungiella gb157.2 DN772771_T1	thellungiella	1454	Sec208.MAB7.15.arabidopsis	89
886	thellungiella gb157.2 DN7744	thellungiella	1455	Sec360.MAB159.15.colza	83
887	thellungiella gb157.2 DN774140_T1	thellungiella	1456	Sec284.MAB100.15.arabidopsis	86
888	tabaco gb162 DW003503_T1	tabaco	1457	Sec329.MAB143.15.tomate	93
889	tabaco gb162 BP532373_T1	tabaco	1458	Sec357.MAB157.15.caña de azúcar	82
890	tabaco gb162 CN949739_T1	tabaco	1459	Sec370.MAB165.15.uva	84
891	tabaco gb162 BQ843111_T1	tabaco	1460	Sec319.MAB138.15.patata	90
892	tabaco gb162 EB683054_T1	tabaco	1461	Sec307.MAB131.15.tomate	89
893	tabaco gb162 EB428197_T1	tabaco	1462	Sec222.MAB16.15.arroz	80

Polinucleótido SEC ID N°:	Homólogos de genes de TEAB			Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:		
894	tabacolgb162 EB445060_T1	tabaco	1463	Sec283.MAB99.15.tomate	90
895	tabacolgb162 EB447202_T1	tabaco	1464	Sec390.MAB175.15.tomate	88
896	tabacolgb162 DW001113_T1	tabaco	1465	Sec256.MAB37.15.tomate	88
897	tabacolgb162 EH623692_T1	tabaco	1466	Sec303.MAB129.15.tomate	85
898	tomate gb164 BG127210_T1	tomate	1467	Sec342.MAB151.15.patata	82
899	tomate gb164 BG128089_T2	tomate	1468	Sec222.MAB16.15.arroz	80
900	tomate gb164 AW219181_T1	tomate	1469	Sec256.MAB37.15.tomate	90
901	tomate gb164 BG127288_T1	tomate	1470	Sec370.MAB165.15.uva	83
902	tomate gb164 BG133509_T1	tomate	1471	Sec256.MAB37.15.tomate	88
903	tomate gb164 BG131241_T1	tomate	1472	Sec309.MAB133.15.cebada	80
904	tomate gb164 BG129621_T1	tomate	1473	Sec350.MAB154.15.caña de azúcar	80
905	tomate gb164 AI779004_T1	tomate	1474	Sec309.MAB133.15.cebada	81
906	tomate gb164 BG129572_T1	tomate	1475	Sec321.MAB139.15.algodón	80
907	tomate gb164 BG135408_T1	tomate	1476	Sec319.MAB138.15.patata	98
908	triphysaria gb164 DR173028_T1	triphysaria	1477	Sec329.MAB143.15.tomate	81
909	triphysaria gb164 BM357524_T2	triphysaria	1478	Sec283.MAB99.15.tomate	85
910	triphysaria gb164 EY133836_T1	triphysaria	1479	Sec311.MAB134.15.cebada	80
911	triphysaria gb164 BM357406_T1	triphysaria	1480	Sec329.MAB143.15.tomate	83
912	triphysaria gb164 BM357011_T1	triphysaria	1481	Sec259.MAB39.15.cebada	80
913	triphysaria gb164 BM357524_T1	triphysaria	1482	Sec376.MAB168.15.uva	85
914	triphysaria gb164 EY137290_T1	triphysaria	1483	Sec256.MAB37.15.tomate	88
915	trigolgb164 CA484259_T1	trigo	1484	Sec241.MAB28.15.arroz	84
916	trigolgb164 BE608422_T1	trigo	1485	Sec379.MAB170.15.cebada	96
917	trigolgb164 BE406378_T1	trigo	1486	Sec219.MAB14.15.arroz	80
918	trigolgb164 BE470780_T1	trigo	1487	Sec221.MAB15.15.sorgo	84
919	trigolgb164 BE418087_T1	trigo	1488	Sec325.MAB141.15.cebada	95
920	trigolgb164 BQ294643_T1	trigo	1489	Sec269.MAB45.15.trigo	94
921	trigolgb164 BE415314_T1	trigo	1490	Sec250.MAB34.15.cebada	82
922	trigolgb164 AL822647_T1	trigo	1491	Sec259.MAB39.15.cebada	98
923	trigolgb164 BE406667_T1	trigo	1492	Sec250.MAB34.15.cebada	89
924	trigolgb164 BF475039_T1	trigo	1493	Sec221.MAB15.15.sorgo	83
925	trigolgb164 CK196180_T1	trigo	1494	Sec323.MAB140.15.cebada	80
926	trigolgb164 BE403745_T1	trigo	1495	Sec379.MAB170.15.cebada	97
927	trigolgb164 BQ620260_T1	trigo	1496	Sec311.MAB134.15.cebada	100
928	trigolgb164 BM138204_T1	trigo	1497	Sec333.MAB145.15.cebada	91
929	trigolgb164 BE401114_T1	trigo	1498	Sec291.MAB123.15.cebada	94

Homólogos de genes de TEAB					
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
930	trigo gb164 BE498161_T1	trigo	1499	Sec388.MAB174.15.cebada	93
931	trigo gb164 BQ744502_T1	trigo	1500	Sec250.MAB34.15.cebada	85
932	trigo gb164 BE415172_T1	trigo	1501	Sec366.MAB163.15.cebada	94
933	trigo gb164 CD490875_T1	trigo	1502	Sec276.MAB49.15.maiz	97
934	trigo gb164 CA625741_T1	trigo	1503	Sec309.MAB133.15.cebada	87
935	trigo gb164 BE443720_T1	trigo	1504	Sec318.MAB137.15.cebada	94
936	trigo gb164 BE420294_T1	trigo	1505	Sec290.MAB122.15.maiz	84
937	trigo gb164 BE516581_T1	trigo	1506	Sec387.MAB174.15.cebada	95
938	trigo gb164 BE406039_T1	trigo	1507	Sec333.MAB45.15.cebada	90
939	trigo gb164 BM136483_T1	trigo	1508	Sec333.MAB145.15.cebada	92
940	trigo gb164 BE425976_T1	trigo	1509	Sec250.MAB34.15.cebada	81
941	trigo gb164 CN011148_T1	trigo	1510	Sec270.MAB45.15.trigo	84
942	trigo gb164 BE419039_T1	trigo	1511	Sec250.MAB34.15.cebada	80
943	trigo gb164 CA603413_T1	trigo	1512	Sec323.MAB140.15.cebada	85
944	trigo gb164 CA743309_T1	trigo	1513	Sec321.MAB139.5.algodón	80
945	trigo gb164 BG262336_T1	trigo	1514	Sec366.MAB163.15.cebada	94
946	trigo gb164 CD881765_T1	trigo	1515	Sec219.MAB14.15.arroz	80
947	trigo gb164 BE352629_T1	trigo	1516	Sec291.MAB123.15.cebada	96
948	trigo gb164 BE398656_T1	trigo	1517	Sec308.MAB132.15.cebada	97
949	trigo gb164 BE403195_T1	trigo	1518	Sec291.MAB123.15.cebada	94
950	trigo gb164 BE488904_T1	trigo	1519	Sec367.MAB163.15.cebada	91
951	trigo gb164 BE492528_T1	trigo	1520	Sec311.MAB134.15.cebada	100
952	trigo gb164 BE427383_T1	trigo	1521	Sec219.MAB14.15.arroz	80
953	trigo gb164 CA646957_T1	trigo	1522	Sec250.MAB34.15.cebada	89
954	trigo gb164 BE443720_T2	trigo	1523	Sec318.MAB137.15.cebada	92
955	trigo gb164 BE490408_T1	trigo	1524	Sec264.MAB42.10.sorgo	81
956	trigo gb164 BE420295_T1	trigo	1525	Sec379.MAB170.15.cebada	96
957	trigo gb164 AL825998_T1	trigo	1526	Sec308.MAB132.15.cebada	97
958	trigo gb164 CA693465_T1	trigo	1527	Sec308.MAB132.15.cebada	97
959	trigo gb164 BE585772_T1	trigo	1528	Sec366.MAB163.15.cebada	95
960	trigo gb164 CA613914_T1	trigo	1529	Sec356.MAB157.15.caña de azúcar	84
1656	>tomate gb164 BG129621_T1	tomate	1660	Sec1649.MAB66.tomate	82
1657	patata gb157.2 BE921143_T1	patata	1661	Sec1649.MAB66.tomate	82
1658	pimiento gb157.2 BM061807_T1	pimiento	1662	Sec1649.MAB66.tomate	80
1659	>triphysaria gb164 RM357011_T1	triphysaria	1663	Sec1649.MAB66.tomate	80

Homólogos de genes de TEAB					
Polinucleótido SEC ID N°:	Nombre del grupo	Organismo	Polipéptido SEC ID N°:	Homología con un polipéptido codificado por el polinucleótido de SEC ID N°:	% de Identidad Global
Tabla 2*: La homología se calculó como % de identidad sobre las secuencias alineadas. Las secuencias de búsqueda eran secuencias de polinucleótidos de SEC ID Nos: 1, 3, 5, 7, 9, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 19, 21, 23, 25, 26, 28, 29, 30, 32, 34, 36, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 88, 90, 91, 93, 94, 96, 98, 100, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 118, 119, 121, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 138, 140, 142, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 161, 163, 165, 168, 169, 170, 171, 173, 175, 177, 179, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198 y 1649 y las secuencias sujeto eran secuencias de proteínas identificadas en la base de datos basada en una identidad mayor del 80 % con respecto a las secuencias traducidas previstas de las secuencias de nucleótidos de búsqueda. Se muestran los polipéptidos homólogos y los polinucleótidos que los codifican.					

EJEMPLO 2

GENERACIÓN DE LOS SUPUESTOS GENES DE TEAB

Se sintetizaron diversas secuencias de ADN de los genes con TEAB (Tolerancia al Estrés Abiótico) a través del GeneArt (Protocolo de Transferencia Hipertexto://World Wide Web (.) geneart (.) com/). El ADN sintético se diseñó *in silico* (con ordenador), basándose en las secuencias de aminoácidos codificadas de los genes de TEAB y usando Tablas de uso de codones calculados de transcriptomas de plantas (en la base de datos de uso de codones disponible en línea en el Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) kazusa (.) o (.) jp/codon pueden encontrarse ejemplos de dichas Tablas). Las secuencias codificantes optimizadas se diseñaron sin introducir cambios en la secuencia de aminoácidos codificada aunque usando codones preferidos para la expresión en plantas dicotiledóneas (principalmente tomate y *Arabidopsis*) y en plantas monocotiledóneas tales como maíz. En la secuencia se introdujo al menos una mutación silenciosa por 20 pares de nucleótidos en comparación con las secuencias originales para evitar un posible silenciamiento cuando se sobreexpresaba el gen en el cultivo diana. A las secuencias optimizadas se añadieron las siguientes enzimas de restricción *Sall*, *XbaI*, *BamHI*, *SmaI* en el extremo 5' y *SacI* en el extremo 3'. Las secuencias sintetizadas por el proveedor (GeneArt, GmbH) se clonaron en el plásmido pCR-Script.

EJEMPLO 3

CLONACIÓN DE GENES Y GENERACIÓN DE VECTORES BINARIOS PARA LA EXPRESIÓN EN PLANTAS

Para validar su papel en la mejora de la TEAB y en el rendimiento, los genes seleccionados se sobreexpresaron en plantas de la siguiente manera.

Estrategia de clonación

Los genes seleccionados de los presentados en el Ejemplo 1 se clonaron en vectores binarios para la generación de plantas transgénicas. Para la clonación, se identificaron fases de lectura abierta (ORF, acrónimo de *Open Reading Frame*) de longitud completa. Se analizaron grupos de EST y en algunos casos secuencias de ARNm para identificar toda la fase de lectura abierta comparando los resultados de diversos algoritmos de traducción con proteínas conocidas de otras especies de plantas.

Para clonar los ADNc de longitud completa, se realizó transcripción inversa (TR, *reverse transcription*) seguido de reacción en cadena de la polimerasa (PCR; RT-PCR) en ARN total extraído de hojas, raíces u otros tejidos de la planta, que se desarrollaban en condiciones normales o en condiciones con déficit de nutrientes. La extracción de ARN total, la producción de ADNc y la amplificación por PCR se realizaron usando protocolos convencionales, descritos en cualquier documento (Sambrook J., E.F. Fritsch, y T. Maniatis. 1989. *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*, 2º Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Nueva York.), conocidos por los expertos en la técnica. Los productos de la PCR se purificaron usando el kit de purificación de PCR (Qiagen).

Normalmente, se prepararon 2 conjuntos de cebadores para la amplificación de cada gen, mediante PCR anidada (lo que significa ampliar primero el gen usando cebadores externos y después usar el producto de la PCR producido como un molde para una segunda reacción PCR, en la que se usa el conjunto interno de cebadores). Como alternativa, se usaron uno o dos de los cebadores internos para la amplificación génica, tanto en la primera como en la segunda reacción PCR (lo que significa que solamente se diseñaron 2-3 cebadores para un gen). Para facilitar la clonación adicional de los ADNc, se añadieron 8-12 pb de extensión en el extremo 5' de cada cebador interno. La extensión del cebador incluye un sitio de restricción endonucleasa. Los sitios de restricción se seleccionan usando dos parámetros: (a) el sitio de restricción no existe en la secuencia de ADNc; y (b) los sitios de restricción en los cebadores directo e inverso se diseñan de tal manera que el ADNc digerido se inserta en la dirección en sentido en el vector binario utilizado para la transformación. En la siguiente Tabla 3, se proporcionan los cebadores usados para la clonación de genes de TEAB.

Tabla 3

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB1	1530	201	EcoRV	<u>MAB1 EF EcoRV</u> AAGATATCAGACCAGAGGAGA AGACTCGATC (SEC ID N°:1567) <u>MAB1 NF EcoRV</u> AAGATATCAGACTCCGTTCCGGA GAAAAGG (SEC ID N° :1568) <u>MAB1 ER EcoRV</u> ATGATATCTGAAGAACATCGCC TTGTCATC (SEC ID N° :1569) <u>MAB1 NR EcoRV</u> AAGATATCACCTTGTCATCGGA TCATCTCC (SEC ID N° :1570)
MAB1_GA (optimizado para la expresión en maíz y G. Max)	1531	AND	and	Producto sintético (de pGA14_MAB1_GA)
MAB14	1538	219	EcoRV	<u>MAB14 EF EcoRV</u> ATGATATCCAACGAATGAAGA CTAGTAGCTG (SEC ID N° :1571) <u>MAB14 NF EcoRV</u> ATGATATCCCAGATGGAATCCT GCCCT (SEC ID N°:1572) <u>MAB14 ER EcoRV</u> ATGATATCGTGTCAATGAAGG GAACGTGC (SEC ID N° :1573) <u>MAB14 NR EcoRV</u> ATGATATCGCAAATGGATTGAG ATATTCTG (SEC ID N° :1574)
MAB14_GA (optimizado para la expresión en maíz)	1539			Producto sintético (de pGA14_MAB14_GA)
MAB10	1532	212	Sall, XbaI	<u>MAB 10 F Sal -</u> GCAGTCGACAACTCACAGTTCC AAACACACA (SEC ID N° :1575) <u>MAB 10 Ext R Xba -</u> GGTCTAGAATGTAAATGTCTTC GTATTAGGC (SEC ID N° :1576) <u>MAB10 NR Xba-</u> CCTCTAGAATCACCCGAAATAA CTAGTGTC (SEC ID N° :1577)
MAB10_GA (optimizado para la expresión en maíz)	1533			Producto sintético (de pGA118_MAB10_GA)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB25	1549d	237	PstI, SmaI	<u>MAB25 EF PstI</u> - AACTGCAGCCATCGTCGTAATC CTTCTAGC (SEC ID N° :1578) <u>MAB25 NF PstI</u> - AACTGCAGTAATCATGGGGAG GAAATCTC (SEC ID N° :1579) <u>MAB25 ER SmaI</u> - GGGTGACAATTCCGAGTCTCAG C (SEC ID N°:1580) <u>MAB25 NR SmaI</u> - TCCCGGGCAATTGGTCAATGGC ACTC (SEC ID N°:1581)
MAB25 GA (optimizado para la expresión en maíz)	1550			Producto sintético (de pGA118_MAB10_GA)
MAB134	1665	311	Sall, XbaI	<u>MAB134 EF Sall</u> - AATGTCGACTCTCGTCTTGCTC CCAGAG (SEC ID N°:1582) <u>MAB134 NF Sall</u> - AATGTCGACCGACACCCTTCTC CTCCTC (SEC ID N°:1583) <u>MAB134 ER XbaI</u> TTTCTAGAATCATATTCCAACA TCCACTTC (SEC ID N°:1584) <u>MAB134 NR XbaI</u> - TTTCTAGACTGCTATGTTCCAC TGACTACAC (SEC ID N° :1585)
MAB99	1566	283	Sall, SacI	<u>MAB99 NF Sall</u> - AAAGTCGACCAAGTTAATTCTCC GTTGTCTACTC (SEC ID N°:1586) <u>MAB99 NR SacI</u> - TGAGCTCCTGCTTGAAACTTGC TGCTAG (SEC ID N° :1587)
MAB36	1554	254	Sall, XbaI	<u>MAB 36 F Sal</u> - GGAGTCGACACAGAAATGGGT GGTTTGAAG (SEC ID N°:1588) <u>MAB 36 Ext R Xba</u> - CCTCTAGAAATGATCACTCACT GCAACTTAG (SEC ID N° :1589) <u>MAB 36 NR Xba</u> - CCTCTAGACACTCACTGCAACT TAGAAACATC (SEC ID N° :1590)

<i>Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación</i>				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB7	1563	208	Sall, Xbal,	<u>MAB 7 ExF Sal</u> - AACGTCGACGCTCATTCTCTT CTTCTTTGG (SEC ID N° :1591) <u>MAB 7 NF Sal</u> - GACGTCGACTCTTCTTTGGTTC TTACATTCTC (SEC ID N°:1592) <u>MAB_7 Ex R Xba</u> - TCTCTAGAGCAAGACGTTATAA ACCATGC (SEC ID N° :1593) <u>MAB 7 NR Xba</u> - TCTCTAGAAGAAGACACGCTG GACAATG (SEC ID N° :1594)
MAB44	1557	267	Sall, SacI	<u>MAB 44 NF sal</u> AAGGTCGACCATAAAGAACAG TGACAGGCG (SEC ID N° :1595) <u>MAB 44 NR Sc</u> AGAGCTCCACGTAGTACATTTT CACAGCAC (SEC ID N° :1596)
MAB44_GA (optimizado para la expresión en maíz)	1558			Producto sintético (de pCR4Blunt- TOPO_MAB44_GA)
MAB6	1561	207	Sall, Xbal	<u>MAB 6 - Ex F Sal</u> - ACCGTCGACCCTTCTCCAATTT CGTAAGC (SEC ID N° :1597) <u>MAB_6 NF_Sal</u> - ACCGTCGACTTCGTAAGCTCAA AGATTTCG (SEC ID N° :1598) <u>MAB 6 - Ext R Xbal</u> - CCTCTAGAACGACTTTTAATCC CTCCAAC (SEC ID N° :1599) <u>MAB 6 - R Xbal</u> - CCTCTAGACTCCAACAGCCACT ACAACC (SEC ID N° :1600)
MAB6_GA (optimizado para la expresión en maíz)	1562			Producto sintético (de pGA15_MAB6_GA)
MAB9	1564	211	EcoRV	<u>MAB9_F_EcoRV</u> <u>AAGATATCGGTTGCTGAGGAA</u> <u>TCGAAGTAG</u> (SEC ID N° :1601) <u>MAB9_ER_EcoRV</u> <u>TTGATATCGAGCCAAGTCACAA</u> <u>GGAGTTTAC</u> (SEC ID N° :1602) <u>MAB9_NR_EcoRV</u> <u>TTGATATCCTCCGAGTGTCGCA</u> <u>GTAAGC</u> (SEC ID N° :1603)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB9_GA (optimizado para la expresión en maíz y G. Max)	1565			Producto sintético (de pGA15_MAB9_GA)
MAB100	1534	284	Sall, XbaI	<u>MAB_100_EF_Sall</u> - AATGTCGACCCAAGTTAACTT CATATCATACAC (SEC ID N°:1604) <u>MAB100_NF_Sall</u> - AATGTCGACGAAGAGTTATTAT GGCGAGCT (SEC ID N° :1605) <u>MAB100_ER_XbaI</u> - AATGTCGACCCAAGTTAACTT CATATCATACAC (SEC ID N°:1606) <u>MAB100_NR_XbaI</u> AATCTAGACAAACCCAATTAT TACATTACG (SEC ID N° :1607)
MAB 13	1536	217	SacI, Sall	<u>MAB13F_Sall_new</u> AATGTCGACCTCGAAAATGGC CACCATTAG (SEC ID N° :1608) <u>MAB 13 ExR Sc</u> CGAGCTCCAAAAATGCAAGAA TCAAGAG (SEC ID N° :1609) <u>MAB_13_F_Sal</u> AAGGTCGACTTCTCTCCAAAAT GGCCAC (SEC ID N° :1610) <u>MAB_13_NR_Sc</u> TGAGCTCTGCAAGAATCAAGA GAAATTTG (SEC ID N° :1611)
MAB32	1552	247	EcoRV	<u>MAB32_F_EcoRV</u> - AAGATATCCTCCACTTGTTGTT CAATTCCC (SEC ID N°:1612) <u>MAB32_ER_EcoRV</u> - ATGATATCGATCTGAACAGCA GTAAGTAAGCC (SEC ID N°:1613) <u>MAB32_NR_EcoRV</u> - ATGATATCTAAGAAGAACAAG ACATGGATCG (SEC ID N°:1614)
MAB35	1553	252	SmaI	<u>MAB35_F</u> - CGTGAGAACTAAGAAACACCC (SEC ID N°:1615) <u>MAB35_ER_SmaI</u> - TCCCGGGACATCTTTTCAACTA AACCAAGAC (SEC ID N°:1616) <u>MAB35_NR_SmaI</u> - TCCCGGGCTAAACCAAGACTTA CACAAGACG (SEC ID N° :1617)

<i>Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación</i>				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB146	1666	334	Sall, Xbal	<u>MAB146 F Sal</u> - ATTGTCGACAGAGTTATGGGA GATAATAGAGGA (SEC ID N°:1618) <u>MAB146 ER Xba</u> - ATTCTAGACTCATTCTGAGCTT TACATGTTC (SEC ID N°:1619) <u>MAB146 NR Xba</u> - TTTCTAGATTGGTTTACACCTC AACTCACTAC (SEC ID N°:1620)
MAB2	1547	No codificado	Sall, Xbal	<u>MAB2 F Sall</u> AATGTCGACAACAAATGATCCT TCAGGCAGTTAAAG (SEC ID N°:1621) <u>MAB2 R Xba</u> TTTCTAGATATTAAACTTAGA TTCGGGATCAG (SEC ID N°:1622)
MAB20	1548	229	PstI, SmaI	<u>MAB20 EF PstI</u> - AACTGCAGGATCATCACTTCTC AGATTTCG (SEC ID N°:1623) <u>MAB20 NF PstI</u> - AACTGCAGAAAAATGAATTCA GAATCGCTAG (SEC ID N°:1624) <u>MAB20 ER SmaI</u> - AACTGCAGGATCATCACTTCTC AGATTTCG (SEC ID N°:1625) <u>MAB20 NR SmaI</u> - TCCCGGGCAATCTGACCTCAAA ACTCCC (SEC ID N°:1626)
MAB43	1556	265	PstI, SmaI	<u>MAB43 NF PstI</u> AACTGCAGGATCAATGAAGAT TCGGAACAG (SEC ID N°:1627) <u>MAB43 ER SmaI</u> TCCCGGGTACAACAAGAAACC TCTGATTC (SEC ID N°:1628) <u>MAB43 NR SmaI</u> TCCCGGGCCTGTGCCACAGCTA TACTTAC (SEC ID N°:1629)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB46	1559	271	Sall, SacI	<u>MAB 46 ExF Sal</u> - GAAGTCGACATCCGTAGTTTCA GTTTCGTCC (SEC ID N° :1630) <u>MAB 46 NF Sal</u> - GAAGTCGACCTTGTCTGTTCCA GATGAAATTG (SEC ID N°:1631) <u>MAB46 ExR Sc</u> - TGAGCTCCTCTATCGACGTCCTG GATTC (SEC ID N° :1632) <u>MAB 46 NR Sc</u> - TGAGCTCCGTCCGGATTTCATAA ACAAC (SEC ID N° :1633)
MAB50	1560	277	SmaI	<u>MAB 50 ExF Sal</u> GGAGTCGACCATCGGGACACA TCTTTAGG (SEC ID N°:1634) <u>MAB50 NF</u> CATCTTTAGGCTCAAGGATTC (SEC ID N°:1635) <u>MAB50 ExR Sac</u> TGAGCTCGATCCTCGTTTATTA CAAGTCTG (SEC ID N° : 1636) <u>MAB50 NR Sma</u> TCCCGGGCACACCAAGATTGAT TACAAAGAG (SEC ID N° :1637)
MAB66	1654	1655	Sall, XbaI	<u>MAB66 F Sal</u> - AATGTCGACGATTGGAGATAG GCAGGCA (SEC ID N° :1638) <u>MAB66 ER Xba</u> - TTTCTAGAGGTAGCCAAAGCTG ACACTC (SEC ID N° :1639) <u>MAB66 NR Xba</u> - AATCTAGAGAGGCATATGCAC TTCTTATCG (SEC ID N° :1640)
MAB4	1555	205	EcoRV	<u>MAB4 EF EcoRV</u> - AAGATATCCAGGACGGGTTCTC GATCAG (SEC ID N° :1641) <u>MAB4 NF EcoRV</u> - AAGATATCCAGCGAACACGTC TACGATG (SEC ID N°:1642) <u>MAB4 ER EcoRV</u> - ATGATATCGCACGAGTTCAACT CAGCTG (SEC ID N°:1643) <u>MAB4 NR EcoRV</u> - ATGATATCGAACTGCTTGAGAT GTAACAGCT (SEC ID N° :1644)
MAB15_GA (optimizado para la expresión en Arabidopsis y maíz)	1541	221	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA4_MAB15)

<i>Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación</i>				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
MAB15a_G A (optimizado para la expresión en maíz)				Producto sintético (de pGA18_ MAB15a_GA)
MAB15_GA _original (secuencia original, no optimizada)	1540			Producto sintético (de pGA14_MAB15_(EV0220)-original)
MAB17_GA (optimizado para la expresión en Arabidopsis y maíz)	1542	224	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA4_MAB17)
MAB17a_GA (optimizado para la expresión en maíz)	1544			Producto sintético (de pCR4Blunt- TOPO_MAB17a_GA)
MAB17_GA _original (secuencia original, no optimizada)	1543			Producto sintético (pGA14_MAB17_(EVO222)-original)
MAB137_GA (optimizado para la expresión en maíz, Arabidopsis y tomate)	1537	317	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA15_MAB137)
MAB3_GA (optimizado para la expresión en maíz, Arabidopsis y tomate)	1551	203	XbaI, SacI	Producto sintético (de pCR4Blunt- Topo_MAB3)
MAB3_GA_ original (secuencia original, no optimizada)	1688			Producto sintético (de pGA14_MAB3_(EVO235)-original)
MAB18_GA (optimizado para la expresión en Arabidopsis y maíz)	1545	225	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA4_MAB18)
Gen de Control: GUI	1664			

<i>Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico y los cebadores usados para la clonación</i>				
Id del Gen	Polinucleótido SEC ID N° del gen clonado	Polipéptido SEC ID N° del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEC ID N°:)
Tabla 3: Se presentan los genes de TEAB clonados y el gen (o genes) de control mediante el número Id del gen y la SEC ID N°: del polinucleótido. También se presentan los cebadores y las enzimas de restricción usadas para clonar los genes de TEAB.				

Los productos de la PCR se digirieron con las endonucleasas de restricción (Roche, Suiza) de acuerdo con los sitios diseñados en los cebadores (Tabla 3). Cada producto de la PCR digerido se insertó en un vector con alto número de copias originado del vector plasmídico pBlue-script KS (vector plasmídico pBlue-script KS, Protocolo de Transferencia Hipertexto: //World Wide Web (.) stratagene (.) com/manuals/212205 (.) pdf). En caso del vector con alto número de copias originado del vector plasmídico pBlue-script KS (pGN) el producto PCR se insertó en el plásmido con alto número de copias cadena arriba del terminador NOS (SEC ID N°: 1651) originado del vector binario pBI 101.3 (N° de Acceso GenBank U12640, nucleótidos 4417 a 4693), Tabla 4 a continuación. En otros casos (pKSJ_6669a) el promotor de At6669 (SEC ID N°: 1652) ya se clonó en el pBlue-script KS, de tal manera que el gen se introduce cadena abajo del promotor (Tabla 4 a continuación).

Se realizó la secuenciación de los genes insertados, usando el secuenciador ABI 377 (Applied Biosystems). En algunos casos, después de confirmar las secuencias de los genes clonados, el ADNc clonado acompañado con el terminador NOS se introdujo en los vectores binarios pGI que contenían el promotor At6669 mediante digestión con endonucleasas de restricción apropiadas. En otros casos, el ADNc clonado acompañado con el promotor At6660 se introdujo en el vector pGI (que ya no tenía el promotor At6669. En cualquier caso después del inserto se realizó una sola copia del terminador NOS (SEC ID N°: 1651). Los productos digeridos y el vector plasmídico linealizado se ligaron usando la enzima ADN ligasa de T (Roche, Suiza).

Tabla 4

<i>Genes clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico en el plásmido con alto número de copias</i>		
<i>Nombre del gen</i>	<i>Plásmido con alto número de copias</i>	<i>Amplificado de</i>
MAB1	pKSJ_6669	ARN
MAB1		Gen Art
MAB10		Gen Art
MAB10	pGN	ARN
MAB14	pKSJ_6669	ARN
MAB14		Gen Art
MAB15	pGN	Gen Art (3 plásmidos)
MAB17	pGN	Gen Art (3 plásmidos)
MAB137	pGN	Gen Art
MAB25	pKSJ_6669	ARN
MAB25		Gen Art
MAB3	pGN	Gen Art (2 plásmidos)
MAB44	pGN	RNA
MAB44		Gen Art
MAB6		Gen Art
MAB9	pKSJ_6669	ARN
MAB9		Gen Art
MAB100	pGN	ARN
MAB13	pGN	ARN
MAB134	pGN	ARN
MAB18	pGN	Gen
MAB2	pGN	ARN
MAB20	pKSJ_6669	ARN
MAB146	pGN	ARN
MAB32	pKSJ_6669	ARN
MAB35	pKS_6669	ARN
MAB36	pGN	ARN
MAB43	pKSJ_6669	ARN
MAB46	pGN	ARN
MAB50	pKSJ_6669	ARN
MAB7	pGN	ARN
MAB99	pGN	ARN

<i>Genes clonados de bibliotecas de ADNc o de ADN genómico en el plásmido con alto número de copias</i>		
<i>Nombre del gen</i>	<i>Plásmido con alto número de copias</i>	<i>Amplificado de</i>
MAB66	pGN	ARN
MAB4	pKSJ_6669	ARN
Tabla 4		

El vector plasmídico pPI se construyó insertando una secuencia de señal sintética poli-(A), originada del vector plasmídico básico pGL3 (Promega, N° de Acceso GenBank U47295; nucleótidos 4658-4811) en el sitio de restricción HindIII del vector binario pBI101.3 (Clontech, N° de Acceso GenBank U12640). pGI (Figura 1) es similar a pPI, pero el gen original en la cadena principal es GUS-Intrón en lugar de GUS.

At6669, la secuencia promotora de *Arabidopsis thaliana* (expuesta en la SEC ID N°: 1652) se insertó en el vector binario pPI, cadena arriba de los genes clonado usando las enzimas de restricción HindIII y SalI o BamHI (Roche), seguido de ligamiento de ADN y extracción de plásmido binario de colonias positivas de *E. coli*, como se ha descrito anteriormente.

Las colonias positivas se identificaron por PCR usando cebadores que se diseñaron para abarcar el promotor introducido (At6669) y el gen clonado en el vector binario. En todos los casos el cebador directo de la PCR fue el cebador expuesto en la SEC ID N°: 1650 (del promotor At6669) y los cebadores inversos (derivados del gen clonado específico) fueron los siguientes: para MAB1, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1570; para MAB14, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1574, para MAB10, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1577; para MAB25, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1581; para MAB134, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1585; para MAB99, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1587; para MAB36, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1590; para MAB7, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1594; para MAB44, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1596; para MAB4, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1600; para MAB9, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1603 (MAB9); para MAB100, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1606; para MAB13, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1611; para MAB32, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1614; para MAB35, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1617; para MAB146, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1620; para MAB2, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1622; para MAB20, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1626; para MAB43, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1629; para MAB46, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1633; para MAB50, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1637; para MAB66, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1640; para MAB4, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1644; para el gen sintético MAB15, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1645; para el gen sintético MAB17, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1646; para el gen sintético MAB18, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1647; para el gen sintético MAG137, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1648; y para el gen sintético MAB3, el cebador inverso fue SEC ID N°: 1649, que se diseñaron para abarcar el promotor introducido y el gen, en el vector binario.

Las secuencias sintéticas (tales como de MAB14, nucleótido SEC ID N°: 23, que codifica la proteína SEC ID N°: 219) de algunos de los polinucleótidos clonados se solicitaron a un proveedor comercial (GeneArt, GmbH). Para optimizar la secuencia codificante, se usaron las Tablas de uso de codones calculados de transcriptomas de plantas [pueden encontrarse ejemplos de dichas Tablas en la Base de Datos de Uso de Codones disponible en línea en el Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) kazusa (.) o (.) jp/codon/]. Las secuencias codificantes optimizadas se diseñaron sin introducir cambios en la secuencia de aminoácidos codificada aunque usando codones preferidos para la expresión en plantas dicotiledóneas, principalmente tomate y *Arabidopsis*; y en plantas monocotiledóneas tales como maíz. Dichas secuencias optimizadas promueven una mejor tasa de traducción y por lo tanto niveles de expresión de proteína más altos. Se solicitaron partes de las secuencias como las secuencias originales. Para las secuencias optimizadas/no optimizadas se añadieron sitios de enzimas de restricción exclusivos adicionales flanqueantes para facilitar los genes de clonación en vectores binarios.

Promotores usados: promotor At6669 de *Arabidopsis* (SEC ID N°: 1652; que es la SEC ID N°: 61 del documento WO04081173 de Evogene Ltd.).

Las secuencias de los ADNc clonados se proporcionan en las SEC ID Nos: 1530-1534, 1536-1545, 1547-1566, 1654, 1665, 1666, 1667 y 1668. La traducción de proteínas de la secuencia de ADNc amplificada coincidió exactamente con la de la predicción bioinformática inicial de las secuencias de proteínas. Las secuencias polipeptídicas predichas de los polinucleótidos clonados se proporcionan en las SEC ID Nos: 201, 212, 284, 213, 217, 317, 219, 221, 224, 225, 226, 227, 229, 237, 203, 247, 252, 205, 265, 267, 271, 277, 207, 208, 211, 283, 1655, 311, 334 y 254.

EJEMPLO 4

TRANSFORMACIÓN DE CÉLULAS DE AGROBACTERIUM TUMEFACIENS CON VECTORES BINARIOS QUE LLEVAN SUPUESTOS GENES DE TEAB

Cada uno de los vectores binarios descritos en el Ejemplo 3 anterior se usó para la transformación de células de *Agrobacterium*. Dos construcciones binarias adicionales, que tenían un gen indicador GUS/Luciferasa que reemplazaba el gen de TEAB (ubicado cadena abajo del promotor At6669), se usaron como controles negativos.

Los vectores binarios se introdujeron en células competentes de *Agrobacterium tumefaciens* GV301 o LB4404 (aproximadamente 10^9 células/ml) por electroporación. La electroporación se realizó usando un electroporador MicroPulser (Biorad), cubetas de 0,2 cm (Biorad) y el programa de electroporación EC-2 (Biorad). Las células tratadas se cultivaron en medio líquido LB a 28 °C durante 3 horas, y después se sembraron en placas sobre agar LB complementado con gentamicina (50 mg/l; para cepas de *Agrobacterium* GV301) o estreptomycin (300 mg/l; para la cepa de *Agrobacterium* LB4404) y kanamicina (50 mg/l) a 29 °C durante 48 horas. Las colonias de *Agrobacterium* que se desarrollaron sobre los medios selectivos se analizaron por PCR usando los cebadores descritos anteriormente (Ejemplo 3) con respecto a la identificación de colonias positivas de vectores binarios. Los productos resultantes de la PCR se aislaron y se secuenciaron como se describe en el Ejemplo 3 anterior, para verificar que las secuencias correctas de TEAB se introducían apropiadamente en las células de *Agrobacterium*.

EJEMPLO 5

TRANSFORMACIÓN DE PLANTAS DE *ARABIDOPSIS THALIANA* CON SUPUESTOS GENES DE TEABT

Plantas de *Arabidopsis thaliana* Columbia (plantas To) se transformaron usando el procedimiento de Inmersión Floral descrito por Clough y Bent (10) y por Desfeux et al. (11), con pequeñas modificaciones. En resumen, se sembraron Plantas To en macetas de 250 ml cargadas con una mezcla de crecimiento basada en turba húmeda. Las macetas se taparon con papel de aluminio y con un domo de plástico, se mantuvieron a 4 °C durante 3-4 días, después se destaparon y se incubaron en una cámara de cultivo a 18-24 °C con ciclos de luz/oscuridad de 16/8 horas. Las plantas To estaban listas para la transformación seis días antes de la antesis.

Se generaron colonias sencillas de *Agrobacterium* que llevaban las construcciones binarias, como las generadas en el Ejemplo 4 anterior. Las colonias se cultivaron en medio LB complementado con kanamicina (50 mg/l) y gentamicina (50 mg/l). Los cultivos se incubaron a 29 °C durante 48 horas con agitación intensa y después se centrifugaron a 4000 rpm durante 5 minutos. Los sedimentos que comprendían las células de *Agrobacterium* se resuspendieron en un medio de transformación que contenía Murashige-Skoog (2,15 g/l) diluido al 50 % (Duchefa); benzilamino purina 0,044 µM (Sigma); vitaminas Gambourg B5 112 µg/L (Sigma); sacarosa al 5 %; y Silwet L-77 0,2 ml/l (OSI Specialists, CT) en agua doblemente destilada, a pH de 5,7.

La transformación de plantas To se realizó invirtiendo cada planta en una suspensión de *Agrobacterium*, de tal manera que el tejido de la planta por encima del suelo se sumergía durante 3-5 segundos. Cada planta To inoculada se colocó inmediatamente en una bandeja de plástico, después se tapó con un domo de plástico transparente para mantener la humedad y se mantuvo en la oscuridad a temperatura ambiente durante 18 horas, para facilitar la infección y la transformación. Después, las plantas transformadas (transgénicas) se destaparon y se transfirieron a un invernadero para su recuperación y maduración. Las plantas transgénicas To se cultivaron en el invernadero durante 3-5 semanas hasta que las silicuas se volvieron de color marrón y se secaron. Las semillas se recogieron de las plantas y se mantuvieron a temperatura ambiente hasta la siembra.

Para generar plantas transgénicas T₁ y T₂ que llevaban los genes, la superficie de las semillas recogidas de las plantas transgénicas To se esterilizó sumergiéndolas en etanol al 70 % durante 1 minuto, seguido de inmersión en hipocloruro de sodio al 5 % y tritón al 0,05 % durante 5 minutos. Las semillas con la superficie esterilizada se lavaron cuidadosamente en agua destilada estéril y después se colocaron en placas de cultivo que contenían Murashige-Skoog diluido al 50 % (Duchefa); sacarosa al 2 %; agar vegetal al 0,8 %; kanamicina 50 mM; y carbenicilina 200 mM (Duchefa). Las placas de cultivo se incubaron a 4 °C durante 48 horas, después se transfirieron a una sala de cultivo a 25 °C durante una semana de incubación más. Las plantas de *Arabidopsis* T₁ vitales se transfirieron a placas de cultivo recientes durante otra semana de incubación. Después de la incubación, las plantas T₁ se retiraron de las placas de cultivo y se plantaron en macetas de 250 ml que contenían mezcla de crecimiento. Se dejó que las plantas transgénicas se desarrollasen en un invernadero hasta su madurez. Las semillas recogidas de las plantas T₁ se cultivaron y crecieron hasta la madurez como plantas T₂ en las mismas condiciones a las usadas para el cultivo y crecimiento de las plantas T₁.

EJEMPLO 6

TEAB MEJORADA EN ENSAYO DE CULTIVO DE TEJIDO

Ensayo 1: crecimiento de plantas con estrés Osmótico (PEG) en condiciones de cultivo de tejido – Las condiciones de estrés osmótico (PEG) se parecen a las de alta osmolaridad encontradas durante la sequía (por ejemplo, PEG8000 al 25 %). Una de las consecuencias de la sequía es la inducción de estrés osmótico en la zona que rodea las raíces; por lo tanto, en muchos estudios científicos, el PEG sirve para simular sequía.

Se sembraron semillas con la superficie esterilizada en medio basa (medio Murasige-Skoog (MS) al 50 % complementado con agar vegetal al 0,8 % como agente solidificante] en presencia de Kanamicina (para seleccionar solo plantas transgénicas). Después de sembrar, las placas se transfirieron durante 2-3 días a 4 °C para estratificación y después se cultivaron a 25 °C con ciclos diarios de 12 horas de luz, 12 horas de oscuridad, durante 7 a 10 días. En este momento, las plántulas seleccionadas al azar se transfirieron cuidadosamente a placas calientes con PEG al 25 % en medio MS 0,5 o en condiciones normales (medio MS 0,5). Cada placa contenía 5 plántulas del mismo evento, y 3-4 placas diferentes (copias) para cada evento. Para cada polinucleótido de la invención se analizaron al menos cuatro eventos de transformación independientes de cada construcción. Las plantas que expresaban los polinucleótidos de la invención se compararon con la medición promedio de las plantas de control. Como control se usaron plantas transgénicas simuladas que expresaban el gen indicador uidA (GUS Intrón – GUI) bajo el mismo promotor.

Formación de imágenes digitales – Se usó un sistema de adquisición de imágenes de laboratorio, que consistía en una cámara réflex digital (Canon EOS 300D) conectada a una lente de longitud focal de 55 mm (serie Canon EF-S), montada sobre un dispositivo reproductor (Kaiser RS), que incluía 4 unidades de luz (4x bombillas de luz de 150 vatios) y localizado en una sala oscura, para capturar imágenes de plantones cultivados en placas cuadradas con agar.

El proceso de captura de imágenes se repitió cada 7 días comenzando el día 0 hasta el día 14. La misma cámara conectada a una lente de longitud focal de 24 mm (serie Canon EF), colocada en un montaje de hierro hecho a medida se usó para tomar imágenes.

Se usó un sistema de análisis de imágenes, que consistía en un ordenador de escritorio personal (procesador Intel P4 3.0 GHz) y en un programa de dominio público – ImageJ 1.37 (programa de procesamiento de imágenes basado en Java que se desarrolló en el U.S. National Institutes of Health y gratuito en Internet en el Protocolo de Transferencia de Hipertexto://rsbweb (.nih.gov/)). Las imágenes se capturaron en resolución de 6 Megapíxeles (3072 x 2048 píxeles) y se almacenaron en un formato JPEG (Joint Photographic Experts Group standard) de baja compresión. Después, los datos analizados se guardaron en archivos de texto y se procesaron usando el programa informático de análisis estadístico JMP (Instituto SAS).

Análisis de las plántulas – Usando el análisis digital se calcularon los datos de las plántulas, incluyendo el área foliar, la cobertura radicular y la longitud radicular.

La Tasa de Crecimiento Relativo (TCR) se calculó de acuerdo con la siguiente fórmula I.

Fórmula I:

$$\text{Tasa del área de crecimiento relativo} = (\Delta \text{Area} / (\Delta t)) * (1 / \text{Area } t_0)$$

Δt es el día en curso de la imagen analizada restado del día inicial (t-t₀). Por tanto, la tasa del área de crecimiento relativo es en unidades de 1/día y la tasa de crecimiento longitudinal es en unidades de 1/día.

Al final del experimento, las plántulas se retiraron de los medios y se pesaron para la determinación del peso fresco de la planta. La Tasa de Crecimiento Relativo se determinó comparando el área foliar, la longitud radicular y la cobertura radicular entre cada pareja de fotografías secuenciales, y los resultados se usaron para resolver el efecto del gen introducido sobre el vigor de la planta, en condiciones de estrés osmótico, así como en condiciones óptimas. De manera similar, el efecto del gen introducido sobre la acumulación de la biomasa, en condiciones de estrés, así como en condiciones óptimas, se determinó comparando el peso fresco de las plantas con las plantas de control (GUI).

Análisis estadísticos – Para identificar los genes y las construcciones superiores, se evaluaron los resultados de los eventos de transformación independientes para la influencia global del gen (efecto del gen) y para cada uno de los eventos ensayados (mejor evento). Se aplicó el ensayo de la t de Student, usando la significación de p < 0,05 o p < 0,1. Se usó el paquete informático estadístico JMP (Versión 5.2.1, Instituto SAS Inc., Cary, NC, EE.UU.).

Resultados Experimentales

Las secuencias de polinucleótidos de la invención se ensayaron para diversos rasgos deseados.

Las Tablas 5-6 representan análisis del Área Foliar en las plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control, indicando A una diferencia a un nivel de significancia de P < 0,05 y A* una diferencia a un nivel de significancia de P < 0,1.

Tabla 5: Genes que muestran mejora del Área Foliar con PEG al 25 %

Id del Gen	Día 7 desde la plantación						Día 14 desde la plantación			
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación *	Mejor evento LSM	Significación *	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B		0,68	B	0,68	B	
MAB1	0,49	A	0,63	A	67	0,72	B	6	0,80	18
MAB25	0,33	C	0,49	A	28	0,61	B	0,88	A	30

Tabla 5: LSM = Media de mínimos cuadrados (acrónimo de *Least Square Mean*); % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 6: Genes que muestran mejora del Área Foliar con PEG al 25 %
Área foliar [cm²], PEG al 25 %

ID del gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación *	Mejor evento LSM	Significación *	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,44	B	0,44	B	
MAB15	0,25	B	0,32	A	43	0,36	B	0,48	B	9
MAB17	0,27	A	0,36	A	57	0,46	B	0,65	A	48
MAB18	0,30	A	0,36	A	57	0,39	B	0,51	B	15
MAB35	0,21	B	0,26	B	14	0,38	B	0,60	A	36

Tabla 6: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 7-9 representan análisis de la Cobertura Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 7

		Cobertura radicular [cm ²], PEG al 25 %									
ID del gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación					
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	
GUI	4,37	B	4,37	B		6,69	B	6,69	B		
MAB1	7,17	A	10,32	A	136	9,25	A	9,73	A	45	

Tabla 7: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 8

ID del gen	Cobertura radicular [cm ²], PEG al 25 %									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación *	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación *	Mejor evento LSM	Significación *	% de mejora del mejor evento
GUI	4,04	B	4,04	B		11,09	B	11,09	B	
MAB15	4,53	B	5,60	A	39	10,10	B	11,74	B	6
MAB18	5,23	A	6,79	A	68	9,92	B	10,29	B	-7
MAB146	5,10	B	7,01	A	73	8,67	B	10,04	B	-9

Tabla 8: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 9

ID del gen	Cobertura radicular [cm ²], PEG al 25 %									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,11	B	2,11	B		5,67	B	5,67	B	
MAB18	2,05	B	2,75	B	30	5,40	B	8,76	A	55
MAB32	1,98	B	5,06	A	140	4,31	B	10,55	A	86
MAB35	2,62	B	3,82	A	81	7,19	A*	10,04	A	77
MAB4	3,03	A	5,64	A	168	7,38	A*	11,38	A	101
MAB146	1,84	B	3,65	A	73	5,05	B	9,21	A	63

Tabla 9: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 10-11 representan análisis de Longitud Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 10

Longitud radicular [cm], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,71	A	4,71	A		5,71	B	5,71	B	
MAB1	5,37	A	5,91	A	25	6,09	B	6,40	B	12

Tabla 10: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 11

Id del Gen	Longitud radicular [cm], PEG al 25 %									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,88	B	2,88	B		5,11	B	5,11	B	
MAB18	3,22	B	4,29	A	49	4,86	B	6,33	B	24
MAB32	2,74	B	5,78	A	101	3,75	B	7,17	A	40
MAB35	3,35	A*	4,79	A	66	5,30	B	6,76	A	32
MAB4	3,25	B	4,80	A	67	5,24	B	7,32	A	43
MAB146	2,43	B	4,00	A	39	4,04	B	6,39	A	25

Tabla 11: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 12-13 representan análisis de TCR (Tasa de Crecimiento Relativa) del Área Foliar en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 12

Área Foliar TCR [cm ² /día], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,46	B	0,46	B		0,12	B	0,12	B	
MAB1	0,68	A	1,47	A	222	0,20	A	0,30	A	151
MAB17	0,43	B	0,50	B	8	0,17	B	0,29	A	145
MAB35	0,65	A	0,71	A	54	0,19	A	0,23	A	93
MAB146	0,55	B	0,80	A	75	6	B	0,20	B	66

Tabla 12: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GU); A significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes donados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 13

Área Foliar TCR [cm ² /día], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Day 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,49	B	0,49	B		0,24	B	0,24	B	
MAB6	0,89	A	1,60	A	226	0,27	B	0,33	B	39

Tabla 13: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 14-18 representan análisis de TCR de la cobertura radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control

Tabla 14

Cobertura radicular TCR [cm ² /día], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	5,74	B	5,74	B		0,11	B	0,11	B	
MAB25	4,03	B	5,44	B	-5	0,16	B	0,21	A	96
MAB44	5,32	B	7,79	B	36	0,17	B	0,28	A	155

Tabla 14: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GU); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 15

Cobertura radicular TCR [cm ² /dia], PEG al 25 %										
Id del Gen	Dia 7 desde la plantación					Dia 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B		0,30	B	0,30	B	
MAB1	2,16	A	3,09	A	621	0,36	B	0,43	A	44
MAB15	1,55	A	2,81	A	555	0,30	B	0,33	B	9
MAB17	1,99	A	4,08	A	852	0,35	B	0,53	A	78
MAB18	1,44	A	1,90	A	343	0,29	B	0,36	B	19
MAB35	1,10	B	1,71	B	298	0,37	B	0,48	A	59
MAB146	2,16	A	4,03	A	841	0,30	B	0,41	A	38

Tabla 15: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 16

Cobertura radicular TCR [cm ² /día], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,27	B	1,27	B		0,08	B	0,08	B	
MAB100	1,26	B	1,52	B	19	0,12	B	0,19	A	131
MAB134	1,64	A*	2,20	A	73	0,08	B	0,12	B	48
MAB13	1,57	B	2,16	A	70	0,19	A	0,32	A	294
MAB15	1,61	A*	2,71	A	113	0,10	B	0,13	B	56
MAB17	2,15	A	2,24	A	76	0,13	B	0,15	B	88
MAB3_GA	1,52	B	2,02	A	58	0,09	B	0,12	B	45

Tabla 16: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 17

Cobertura radicular TCR [cm ² /dia], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,95	B	0,95	B		0,30	B	0,30	B	
MAB18	0,75	B	2,04	A	116	0,29	B	0,47	A	60
MAB35	1,44	A*	4,53	A	379	0,32	B	0,48	A	63
MAB4	1,28	B	2,17	A	129	0,29	B	0,44	A	49
MAB146	0,47	B	0,86	B	-9	0,35	B	0,45	A	52

Tabla 17: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 18

Cobertura radicular TCR [cm ² /dia], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Day 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,66	B	1,66	B		0,21	B	0,21	B	
MAB43	1,43	B	2,24	B	35	0,29	A	0,39	A	86
Tabla 18: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Las Tablas 19-21 representan análisis de Longitud Radicular TCR en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 con PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 19
Cobertura radicular TCR [cm/día], PEG al 25 %

Id del Gen	Día 7 desde la plantación										Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,09	B	0,09	B		0,09	B	0,09	B	
MAB1	0,46	A	0,58	A	148	0,1	A	0,14	A		0,1	A	0,14	A	58
MAB15	0,43	A	0,58	A	148	0,08	B	0,10	B		0,08	B	0,10	B	16
MAB17	0,45	A	0,57	A	147	0,11	A	0,16	A		0,11	A	0,16	A	87
MAB18	0,41	A	0,44	A	89	0,10	B	0,13	A		0,10	B	0,13	A	45
MAB35	0,31	B	0,37	A	59	0,10	B	0,13	B		0,10	B	0,13	A	51
MAB146	0,49	A	0,65	A	178	0,09	B	0,10	B		0,09	B	0,10	B	17

Tabla 19: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 20

Cobertura radicular TCR [cm/día], PEG al 25 %											
Id del Gen	Día 7 desde la plantación						Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	
GUI	0,20	B	0,20	B		0,07	B	0,07	B		
MAB134	0,28	A	0,33	A	68	0,07	B	0,08	B	16	
MAB13	0,34	A	0,46	A	133	0,11	A	0,15	A	113	
MSB15	0,30	A	0,47	A	139	0,06	B	0,07	B	1	
MAB17	0,39	A	0,44	A	121	0,09	B	0,10	B	39	
MAB3GA	0,28	A	0,34	A	72	0,05	B	0,08	B	8	

Tabla 20: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 21

Cobertura radicular TCR[cm/día], PEG al 25 %										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Day 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,29	B	0,29	B		0,11	B	0,11	B	
MAB137	0,27	B	0,39	A	32	0,11	B	0,12	B	11
MAB43	0,33	B	0,49	A	66	0,14	A	0,17	A	60
MAB50	0,37	A	0,53	A	82	0,13	B	0,15	A	45
MAB6	0,33	B	0,43	A	47	0,12	B	0,15	B	38

Tabla 21; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 22-23 representan análisis del Peso Fresco de Plantas en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 con PEG al 25 %. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 22

Id del Gen	Peso Fresco de la Planta [g], PEG al 25 %				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB15	0,25	B	0,30	A	51
MAB18	0,21	B	0,26	A	33

Tabla 22; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 23

Id del Gen	Peso Fresco de la Planta [g], PEG al 25 %				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,18	B	0,18	B	
MAB17	0,22	B	0,29	A	66
MAB3_GA	0,18	B	0,27	A	53

Tabla 23; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10 Las Tablas 24-27 representan análisis del Área Foliar Plantas en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 24

Área Foliar [cm ²], Condiciones Normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0.49	B	0.49	B		0.82	B	0.82	B	
MAB1	0.65	A	0.73	A	47	1.00	A	1.13	A	38

Tabla 24; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0.05$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 25

Área Foliar [cm ²], Condiciones Normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 dese la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,24	B	0,24	B		0,56	B	0,56	B	
MAB17	0,31	A	0,34	A	40	0,73	A	0,90	A	61
MAB18	0,29	A	0,37	A	52	0,69	A	0,79	A	42
Tabla 25: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 26

Área Foliar [cm ²], Condiciones Normales									
Id del Gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	
GUI	0,39	B	0,39	B	0,98	B	0,98	B	
MAB15	0,46	A*	0,61	A	1,22	A	1,38	A	41
MAB17	0,46	A*	0,57	A	1,13	A*	1,32	A	34
MAB3_GA	0,38	B	0,56	A	0,97	B	1,38	A	40

Tabla 26: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 27

Área Foliar [cm2], Condiciones Normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B		0,67	B	0,67	B	
MAB6	0,32	B	0,41	A	19	0,60	B	0,74	B	0,60

Tabla 27: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 28-31 representan análisis de Cobertura Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 28

Cobertura Radicular [cm ²], Condiciones normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,34	B	3,34	B		11,61	B	11,61	B	
MAB18	3,31	B	4,78	A	43	10,66	B	13,30	B	14
Tabla 28: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior										

Tabla 29

Cobertura Radicular [cm ²], Condiciones normales					
Id del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	5,40	B	5,40	B	
MAB100	5,05	B	7,06	A	31
Tabla 29: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior					

Tabla 30

Id del Gen	Cobertura de Raíces [cm ²], Condiciones normales									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,53	B	3,53	B		8,52	B	8,52	B	
MAB18	4,17	A*	5,30	A	50	9,81	A*	12,89	A	51
MAB32	2,55	B	4,71	A	33	6,40	B	12,37	A	45
MAB35	3,73	B	4,59	A	30	8,55	B	11,12	A	30
MAB46	2,46	B	3,42	B	-3	6,55	B	10,98	A	29
MAB146	2,33	B	3,95	B	12	7,05	B	10,86	A	28

Tabla 30: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior

Tabla 31
Cobertura Radicular [cm²], Condiciones normales

Id del Gen	Día 7 desde la plantación						Día 10 desde la plantación			
	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	3,73	B	3,73	B		7,11	B	7,11	B	
MAB6	3,63	B	4,94	A	33	6,30	B	8,00	B	13
Tabla 31: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Las Tablas 32-33 representan análisis de Longitud Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 32

Longitud radicular [cm], Condiciones normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	5,89	B	5,89	B		6,82	B	6,82	B	
MAB1	6,73	A	7,39	A	26	7,02	B	7,63	B	12
MAB10	5,45	B	8,07	A	37	5,83	B	8,18	B	20

Tabla 32: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 33

Id del Gen	Longitud radicular [cm], Condiciones normales									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	3,96	B	3,96	B		6,51	B	6,51	B	
MAB18	5,07	A	5,70	A	44	7,08	A	8,03	A	23
MAB32	3,68	B	6,12	A	55	5,82	B	8,22	A	26
MAB35	4,58	A	5,76	A	46	6,77	B	7,75	A	19
MAB46	3,39	B	4,31	B	9	5,55	B	7,42	A	14
MAB146	3,14	B	4,82	A	22	5,47	B	7,48	A	15

Tabla 33: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes donados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 34-36 representan análisis de la TCR del Área Foliar en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 34

Área Foliar TCR [cm/día], Condiciones normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B		0,20	B	0,20	B	
MAB15	0,79	A	1,25	A	189	0,21	B	0,27	B	36
MAB146	0,62	B	0,97	A	124	0,15	C	0,18	B	-13
Tabla 34: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GU); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 35

Área Foliar TCR [cm/día], Condiciones normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,73	B	0,73	B		0,21	B	0,21	B	
MAB100	0,72	B	1,00	A	37	0,27	B	0,32	A	48
MAB134	0,85	B	0,92	B	27	0,31	A	0,37	A	75
MAB15	0,88	A*	1,24	A	70	0,28	B	0,33	A	56
MAB17	0,91	A	1,18	A	62	0,26	B	0,33	A	55
MAB3GA	0,88	B	1,16	A	59	0,27	B	0,31	B	46

Tabla 35: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 36

Área Foliar TCR [cm/día], Condiciones normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,92	B				0,29	B	0,29	B	
MAB32	0,95	B	1,31	A	43	0,28	B	0,31	B	5
Tabla 36: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GU); A significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Las Tablas 37-41 representan análisis de la TCR de la Cobertura Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 37

Cobertura Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales											
ID del Gen	Día 7 desde la plantación						Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	
GUI	5,62	B	5,62	B		0,18	B	0,18	B		
MAB10	7,69	B	15,10	A	168	0,08	B	0,14	B	-20	
MAB44	5,28	B	11,69	A	108	0,13	B	0,17	B	-5	

Tabla 37: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GU); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 38

Cobertura Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales										
Id del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,40	B	0,40	B	
MAB1	0,90	A	1,23	A	444	0,33	B	0,42	B	7
MAB15	1,06	A	1,65	A	628	0,34	B	0,42	B	6
MAB18	0,94	A	1,76	A	677	0,37	B	0,52	B	32
MAB35	0,56	B	1,00	A	342	0,38	B	0,41	B	3
MAB146	0,80	A	1,09	A	381	0,35	B	0,50	B	26

Tabla 38: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 39
Cobertura Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales

ID del Gen	Día 7 desde la plantación										Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,64	B	1,64	B							0,12	B	0,12	B	
MAB134	3,09	A	4,38	A	167						0,14	B	0,17	B	35
MAB13	2,47	A	2,82	A	72						0,1	B	0,13	B	6
MAB15	1,96	B	2,75	A	68						0,15	B	0,16	B	33
MAB17	2,09	B	3,09	A	89						0,15	B	0,20	A	60
Tabla 39: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.															

Tabla 40

Cobertura Radicular TCR [cm ² /día], Condiciones normales										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	2,53	B	2,53	B		0,24	B	0,24	B	
MAB35	1,66	B	4,14	A	63	0,29	B	0,54	A	123
MAB4	1,46	B	2,64	B	4	0,32	B	0,42	A	73
MAB146	0,62	B	0,95	B	-63	0,41	A	0,75	A	207
Tabla 40: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 41

Cobertura Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,08	B	1,08	B		0,31	B	0,31	B	
MAB137	1,36	B	2,03	A	88	0,26	B	0,31	B	1
MAB43	1,39	B	2,35	A	118	0,23	B	0,27	B	-12
MAB50	1,57	A	1,98	A	83	0,27	B	0,30	B	-3
MAB6	1,16	B	1,94	A	80	0,25	B	0,29	B	-6
MAB99	1,48	A	2,63	A	144	0,21	B	0,27	B	-13

Tabla 41: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 42-46 representan análisis de la TCR de la Longitud Radicular en plantas que se sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 42

Longitud Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,07	B	1,07	B	
MAB10	1,29	B	2,01	A	88

Tabla 42: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 43

Longitud Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,17	B	0,17	B	
MAB1	0,26	A	0,34	A	93
MAB15	0,32	A	0,45	A	156
MAB17	0,24	A	0,28	A	61
MAB18	0,30	A	0,41	A	136
MAB146	0,26	A	0,34	A	93

Tabla 43: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 44

Longitud Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0.29	B	0.29	B		0.08	B	0.08	B	
MAB100	0.36	B	0.39	B	31	0.08	B	0.13	A	67
MAB134	0.51	A	0.63	A	115	0.08	B	0.09	B	23
MAB13	0.50	A	0.61	A	107	0.08	B	0.09	B	19
MAB15	0.40	A	0.53	A	79	0.08	B	0.09	B	19
MAB17	0.38	A*	0.44	A	49	0.10	A	0.13	A	70
Tabla 44: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0.05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0.1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 45

Longitud Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales					
ID del Gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB32	0,11	B	0,15	A	35
MAB35	0,11	B	0,20	A	76
MAB4	0,11	B	0,17	A	50
MAB146	0,15	A	0,19	A	71

Tabla 45: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 46

ID del Gen	Longitud Radicular TCR [cm/día], Condiciones normales									
	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,31	B	0,31	B		0,12	B	0,12	B	
MAB137	0,33	B	0,40	A	31	0,11	B	0,12	B	-1
MAB43	0,33	B	0,44	A	41	0,11	B	0,12	B	-2
MAB50	0,39	A	0,42	A	35	0,13	B	0,17	A	34
MAB6	0,30	B	0,41	A	33	0,12	B	0,18	A	41

Tabla 46: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 47-48 representan análisis de Peso Fresco de Plantas en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 47

Peso Fresco de Planta [g], Condiciones normales					
ID del Gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,15	B	0,15	B	
MAB15	0,24	A	0,28	A	93
MAB17	0,21	A	0,25	A	73
MAB18	0,22	A	0,29	A	101

Tabla 47: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 48

Peso Fresco de Planta [g], Condiciones normales					
ID del Gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB100	0,28	A*	0,33	A	62
MAB134	0,23	B	0,34	A	64
MAB13	0,31	A	0,35	A	73
MAB15	0,38	A	0,42	A	106
MAB17	0,37	A	0,53	A	159
MAB3_GA	0,28	A*	0,40	A	94

Tabla 48: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10 *Ensayo 2: crecimiento de las plantas con déficit de Nitrógeno, en condiciones de cultivo Tisular* – Los autores de la presente invención han descubierto que el ensayo EUN (Eficiencia de la Utilización de Nitrógeno) es relevante para la evaluación de los genes de TEAB candidatos, dado que un déficit de la EUN promueve el alargamiento radicular, aumenta la cobertura radicular y permite detectar el potencial de la planta para generar un mejor sistema radicular en condiciones de sequía. Además, en la bibliografía (Wesley et al., 2002 Journal of Experiment Botany Vol. 53, No. 366, págs. 13-25) existen indicios de que los mecanismos biológicos de la EUN y de la tolerancia a la sequía están relacionados.

15 Semillas esterilizadas en la superficie se sembraron en medio basal [Medio Murashige-Skoog (MS) al 50 % complementado con agar vegetal al 0,8 % como agente solidificante] en presencia de kanamicina (para seleccionar solo plantas transgénicas). Después de sembrar, las placas se transfirieron durante 2-3 días a 4 °C para la estratificación y después crecieron a 25 °C con ciclos diarios de 12 horas de luz, 12 horas de oscuridad, durante 7 a 10 días. En este momento, las plántulas seleccionadas al azar se transfirieron cuidadosamente a placas que contenían condiciones limitantes de nitrógeno: medio MS 0,5 en el que la concentración de nitrógeno combinado (NH_4NO_3 y KNO_3) es de 0,75 mM (condiciones con déficit de nitrógeno) o a placas que llevan condiciones de nitrógeno normales: medio 0,5 MS en el que la concentración de nitrógeno combinado (NH_4NO_3 y KNO_3) es de 3 mM (concentración normal de nitrógeno). Todos los experimentos de cultivo tisular se desarrollaron al mismo tiempo (EUN, PEG y Normal). Los resultados del crecimiento en condiciones normales para EUN son los mismos que para PEG y se presentan en el ensayo 1. Cada placa contiene 5 plántulas del mismo evento, y 3-4 placas diferentes (copias) para cada evento. Para cada polinucleótido de la invención se analizaron al menos cuatro eventos de transformación independientes de cada construcción. Las plantas que expresan los polinucleótidos de la invención se comparan con la medición promedio de las placas de control (GUI – que lleva el gen GUS bajo el mismo promotor) usadas en el mismo experimento.

35 *Formación de imágenes digitales y análisis estadístico* – Los parámetros se midieron y analizaron como se describe en el Ensayo 1 anterior.

Resultados experimentales – Las secuencias de polinucleótidos de la invención se ensayaron con respecto a diversos rasgos deseados.

- 5 Las Tablas 49-53 representan análisis del Área Foliar en plantas que se sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 49

Área Foliar [cm ²], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,45	B	0,45	B		0,41	B	0,41	B	
MAB1	0,49	B	0,65	A	44	0,50	A	0,55	A	35
MAB10	0,46	B	0,62	A	38	0,51	A	0,69	A	68
MAB6	0,42	B	0,53	B	17	0,49	B	0,61	A	49

Tabla 49: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 50

Área Foliar [cm ²], EUN 0,75 mm										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,41	B	0,41	B	
MAB1	0,22	B	0,24	B	5	0,50	A	0,55	A	35
MAB15	0,25	B	0,32	A	43	0,51	A	0,69	A	68
MAB17	0,27	A	0,36	A	57	0,55	A	0,70	A	72
MAB18	0,30	A	0,36	A	57	0,59	A	0,73	A	80
MAB35	0,21	B	0,26	B	14	0,49	B	0,61	A	49
MAB146	0,26	B	0,28	B	23	0,55	A	0,60	A	48

Tabla 50: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 51

Área Foliar [cm ²], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB17	0,32	B	0,44	A	31
MAB3_GA	0,32	B	0,44	A	31

Tabla 51: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 52

Área Foliar [cm ²], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,21	B	0,21	B		0,63	B	0,63	B	
MAB18	0,23	B	0,31	A	50	0,58	B	0,77	A	22
MAB4	0,20	B	0,31	A	48	0,54	B	0,82	A	30
MAB146	0,21	B	0,29	A	41	0,48	C	0,59	B	-6

Tabla 52: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 53

ID del Gen	Área Foliar [cm ²], EUN 0,75 mM										
	Día 7 desde la plantación						Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	
GUI	0,27	B	0,27	B		0,51	B	0,51	B		
MAB43	0,25	B	0,35	A	29	0,47	B	0,60	B	18	
MAB50	0,28	B	0,32	B	19	0,54	B	0,66	A	31	
MAB6	0,28	B	0,35	A	28	0,54	B	0,69	A	35	
MAB66	0,28	B	0,34	A	25	0,51	B	0,59	B	17	
MAB99	0,27	B	0,35	A	28	0,51	B	0,59	B	16	

Tabla 53: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 54-57 representan análisis de Cobertura Radicular en plantas que se sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 54

Cobertura Radicular [cm ²], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	6,18	B	6,18	B		14,36	B	14,36	B	
MAB1	7,33	B	8,56	A	39	13,18	B	16,22	B	13
MAB10	7,93	A	10,38	A	68	13,32	B	14,67	B	2
MAB25	5,83	B	6,93	B	12	11,12	A	13,90	B	-3
MAB44	5,37	B	9,93	A	61	11,14	A	17,59	B	22
MAB6	6,88	B	9,31	A	51	12,79	B	15,66	B	9

Tabla 54: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 55

ID del Gen	Cobertura Radicular [cm ²], EUN 0,75 mm									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,04	B	4,04	B		12,24	B	12,24	B	
MAB15	4,53	B	5,60	A	39	13,70	B	16,40	A	34
MAB17	4,15	B	4,85	B	20	13,16	B	15,06	A	23
MAB18	5,23	A	6,79	A	68	14,47	A	15,52	A	27
MAB35	4,03	B	4,90	B	21	13,95	B	15,62	A	28
MAB146	5,10	B	7,01	A	73	14,65	A	15,70	A	28

Tabla 55: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GU); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 56

Cobertura Radicular [cm ²], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	3,14	B	3,14	B		10,88	B	10,88	B	
MAB18	5,39	A	7,64	A	144	12,76	B	16,64	A	53
MAB32	3,58	B	7,13	A	127	9,79	B	16,22	A	49
MAB35	5,00	A	6,49	A	107	13,31	A	15,36	A	41
MAB4	4,16	B	7,34	A	134	12,00	B	16,52	A	52
MAB46	3,01	B	3,78	B	21	8,35	C	12,09	B	11
MAB146	4,22	B	7,34	A	134	11,48	B	14,98	A	38

Tabla 56: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes donados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 57

Cobertura Radicular [cm ²], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,56	B	4,56	B		9,81	B	9,81	B	
MAB6	5,66	A	7,98	A	75	10,61	B	14,87	A	52
MAB66	5,83	A	6,58	A	44	10,31	B	11,49	B	17

Tabla 57: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 58-61 representan análisis de la Longitud Radicular en plantas que se sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 58

Longitud Radicular [cm], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	6,31	B	6,31	B	
MAB44	5,34	B	7,07	A	12

Tabla 58: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 59

Longitud Radicular [cm], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,55	B	4,55	B		7,23	B	7,23	B	
MAB15	4,48	B	5,40	A	19	6,93	B	7,49	B	4
MAB18	4,61	B	5,48	A	20	7,59	B	7,86	B	9
MAB146	4,70	B	5,20	B	14	7,66	B	7,95	A	10

Tabla 59: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 60

	Longitud Radicular [cm], EUN 0,75 mM									
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	3,61	B	3,61	B		6,15	B	6,15	B	
MAB18	4,93	A	6,44	A	79	7,30	A	8,11	A	32
MAB32	4,02	B	6,48	A	80	6,53	B	8,51	A	38
MAB35	4,70	A	5,47	A	52	7,20	A	7,46	A	21
MAB4	4,06	A*	5,54	A	54	6,60	B	8,02	A	30
MAB146	3,77	B	5,54	A	54	6,09	B	7,19	A	17

Tabla 60: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 61

Longitud Radicular [cm], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,87	B	4,87	B	
MAB66	5,27	B	5,74	A	18
Tabla 61: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

5 Las Tablas 62-64 representan análisis de la TCR del Área Foliar en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 62

Área Foliar TCR [cm/día], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,46	B	0,46	B		0,12	B	0,12	B	
MAB1	0,68	A	1,47	A	222	0,20	A	0,30	A	151
MAB17	0,43	B	0,50	B	8	0,17	B	0,29	A	145
MAB35	0,65	A	0,71	A	54	0,19	A	0,23	A	93
MAB146	0,55	B	0,80	A	75	0,16	B	0,20	B	66

Tabla 62: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 63

Área Foliar TCR [cm/día], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,80	B	0,80	B	
MAB18	0,87	B	1,24	A	56
MAB32	0,94	B	1,53	A	91
MAB35	0,96	B	1,21	A	51
MAB4	0,71	B	0,81	B	1
MAB46	0,64	B	0,75	B	-7
MAB146	0,82	B	1,04	B	30
Tabla 63: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 64

Área Foliar TCR [cm/día], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,22	B	1,22	B		0,28	B	0,28	B	
MAB137	2,12	B	5,12	A	319	0,29	B	0,35	B	25
MAB43	1,94	B	5,18	A	323	0,29	B	0,35	B	28
MAB50	1,15	B	1,76	B	44	0,32	B	0,41	A	50
Tabla 64: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Las Tablas 65-69 representan análisis de la TCR de la Cobertura Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B, C) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 65

Cobertura Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM											
ID del Gen	Día 7 desde la plantación						Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	
GUI	5,35	B	5,35	B		0,28	B	0,28	B		
MAB25	7,38	B	11,62	A	117	0,19	C	0,26	B	-6	
MAB44	7,19	B	11,52	A	115	0,26	B	0,35	B	23	
Tabla 65: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.											

Tabla 66

Cobertura Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mm										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B		0,30	B	0,30	B	
MAB1	2,16	A	3,09	A	621	0,36	B	0,43	A	44
MAB15	1,55	A	2,81	A	555	0,30	B	0,33	B	9
MAB17	1,99	A	4,08	A	852	0,35	B	0,53	A	78
MAB18	1,44	A	1,90	A	343	0,29	B	0,36	B	19
MAB35	1,10	B	1,71	B	298	0,37	B	0,48	A	59
MAB146	2,16	A	4,03	A	841	0,30	B	0,41	A	38

Tabla 66: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 67

Cobertura Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	2,30	B	2,30	B	
MAB100	2,85	B	4,02	A	74
MAB134	4,27	A	5,99	A	160
MAB13	3,95	A	4,84	A	110
MAB15	3,05	A*	3,97	A	73
MAB17	2,96	B	3,76	A	63

Tabla 67: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
 Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 68

Cobertura Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	2,28	B	2,28	B		0,44	B	0,44	B	
MAB35	2,02	B	4,82	A	111	0,33	B	0,53	B	20
MAB4	1,80	B	2,90	B	27	0,40	B	0,63	A	42
Tabla 68: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 69

ID del Gen	Cobertura Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM				
	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,60	B	1,60	B	
MAB137	2,19	A	2,55	B	60
MAB43	2,00	B	2,75	A	72
MAB50	2,26	A	3,28	A	105
MAB6	2,45	A	2,96	A	85
MAB66	1,81	B	2,87	A	80
MAB99	2,25	A	3,73	A	133

Tabla 69: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
 Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5 Las Tablas 70-74 representan análisis de la TCR de la Longitud Radicular en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 70

Longitud Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM									
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación			
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*
GUI	0,99	B	0,99	B		0,04	B	0,04	B
MAB44	1,10	B	1,64	A	65	0,06	B	0,09	A
Tabla 70: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.									
									% de mejora del mejor evento
									108

Tabla 71

ID del Gen	Longitud Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM									
	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,09	B	0,09	B	
MAB1	0,46	A	0,58	A	148	0,12	A	0,14	A	58
MAB15	0,43	A	0,58	A	148	0,08	B	0,10	B	16
MAB17	0,45	A	0,57	A	147	0,11	A	0,16	A	87
MAB18	0,41	A	0,44	A	89	0,10	B	0,13	A	45
MAB35	0,31	B	0,37	A	59	0,10	B	0,13	A	51

Tabla 71: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes donados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 72

Longitud Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mm										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,35	B	0,35	B		0,06	B	0,06	B	
MAB100	0,46	A	0,61	A	73	0,08	B	0,11	A	80
MAB134	0,62	A	0,73	A	107	0,09	A	0,10	A	60
MAB13	0,69	A	0,84	A	140	0,08	B	0,11	A	66
MAB15	0,52	A	0,58	A	66	0,07	B	0,09	B	44
MAB17	0,52	A	0,64	A	81	0,08	B	0,09	A	44
MAB3_GA	0,44	B	0,51	A	46	0,07	B	0,09	B	38

Tabla 72: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 73

Longitud Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM										
ID del Gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,61	B	0,61	B		0,12	B	0,12	B	
MAB35	0,52	B	0,91	A	48	0,10	B	0,16	B	29
MAB4	0,53	B	0,65	B	6	0,12	B	0,19	A	52
MAB146	0,37	C	0,42	B	-31	0,12	B	0,17	A	39
Tabla 73: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 74

ID del Gen	Longitud Radicular TCR [cm/día], EUN 0,75 mM									
	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,36	B	0,36	B		0,11	B	0,11	B	
MAB137	0,46	A	0,55	A	52	0,13	B	0,18	A	72
MAB43	0,41	B	0,53	A	47	0,12	B	0,14	B	30
MAB50	0,48	A	0,57	A	59	0,12	B	0,16	A	46
MAB6	0,53	A	0,64	A	79	0,10	B	0,12	B	9
MAB66	0,41	B	0,55	A	54	0,10	B	0,12	B	9
MAB99	0,47	A	0,62	A	74	0,10	B	0,13	B	19

Tabla 74: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 75-76 representan análisis del Peso Fresco de la Planta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 75

Peso Fresco de la Planta [g], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,15	B			
MAB1	0,25	A	0,46	A	208
MAB6	0,20	B	0,29	A	95

Tabla 75: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 76

Peso Fresco de la Planta [g], EUN 0,75 mM					
ID del Gen	Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación*	Mejor evento LSM	Significación*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,15	B			
MAB137	0,18	A	0,19	A	31
MAB50	0,16	B	0,22	A	49
MAB6	0,16	B	0,22	A	52
MAB66	0,15	B	0,19	A	32

Tabla 76: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10 EJEMPLO 7

TEAB MEJORADA EN ENSAYOS DE INVERNADERO

15 *Tolerancia al EAB: Tasa de rendimiento y de crecimiento de las plantas a concentración de alta salinidad en condiciones de invernadero* – Este ensayo obedece al crecimiento del área de la roseta de plantas que crecen en invernadero, así como al rendimiento de las semillas con riego de alta salinidad. Las semillas se sembraron en medio con agar complementado solo con un agente de selección (Kanamicina) y solución de Hoagland en condiciones de vivero. Después, las plántulas transgénicas T_2 se trasplantaron en bandejas de 1,7 litros cargadas con turba y perlita. Las bandejas se regaron con agua corriente (proporcionada desde la base de las macetas). La
20 mitad de las plantas se regó con una solución salina (NaCl 40-80 mM y CaCl_2 5 mM) para inducir estrés por salinidad (condiciones de estrés). La otra mitad de las plantas continuó regándose con agua corriente (condiciones normales). Todas las plantas crecieron en el invernadero hasta que las plantas alcanzaron la fase de semillas maduras, después se recogieron (el tejido por encima del suelo) y se pesaron (inmediatamente o después de secar en un horno a 50 °C durante 24 horas). Las condiciones de alta salinidad se obtuvieron regando con una solución
25 que contenía NaCl 40-80 mM (condiciones de crecimiento con “EAB”) y después se compararon con condiciones de crecimiento regulares.

Se analizó el tamaño, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y el peso de 1.000 semillas, la materia seca y el índice de cosecha (IC- rendimiento de semilla/materia seca) global de las plantas. El rendimiento de las
30 plantas transgénicas se comparó con el de las plantas de control que crecían en paralelo en las mismas condiciones. Como control se usaron plantas transgénicas simuladas que expresaban el gen indicador uidA (GUS Intrón- GUI) bajo el mismo promotor.

El experimento se planificó en una distribución en parcelas aleatorizada anidada. Las condiciones de alta salinidad
35 se consiguieron regando con una solución que contenía NaCl 40-80 mM (condiciones de crecimiento con “EAB”).

Formación de imágenes digitales – Se usó un sistema de adquisición de imágenes de laboratorio, que consistía en una cámara réflex digital (Canon EOS 300D) acoplada a una lente de longitud focal de 55 mm (serie Canon EF-S),

montada en un dispositivo reproductor (Kaiser RS), que incluía 4 unidades de luz (4x bombillas de luz de 150 vatios) para capturar imágenes de los plantones.

El proceso de captura de imágenes se repitió cada 2-3 días comenzando el día 1 después de sembrar hasta el día 10. La misma cámara acoplada con una lente de longitud focal de 24 mm (serie Canon EF), se colocó en un montaje de hierro fabricado a medida, usado para capturar imágenes de plantas más grandes que se cultivaron en macetones blancos en un invernadero con ambiente controlado (como se observa en las Figuras 2a-b). Los macetones, que eran cuadrados, incluían bandejas de 1,7 litros. Durante el proceso de captura, las bandejas se colocaron debajo del montaje de hierro, evitando la luz solar directa y la proyección de sombras. Este proceso se repitió cada 2-3 días durante hasta 10 días.

Se usó un sistema de análisis de imágenes, que consistía en un ordenador de escritorio personal (procesador Intel P4 3.0 GHz) y en un programa de dominio público – ImageJ 1.37 (programa de procesamiento de imágenes basado en Java que se desarrolló en el U.S. National Institutes of Health y gratuito en Internet en el Protocolo de Transferencia de Hipertexto://rsbweb.nih.gov/). Las imágenes se capturaron en resolución de 6 Megapíxeles (3072 x 2048 píxeles) y se almacenaron en un formato JPEG (*Joint Photographic Experts Group*) de baja compresión. Después, los datos analizados se guardaron en archivos de texto y se procesaron usando el programa informático de análisis estadístico JMP (Instituto SAS).

Análisis de los parámetros vegetativos – Usando los análisis digitales se calcularon los datos de las hojas, incluyendo el área foliar promedio, el diámetro de la roseta y el área de la roseta. La Tasa de Crecimiento Relativo (TCR) de los parámetros de la roseta se calculó de acuerdo con la Fórmula I, como se describe en el Ejemplo 6. El día 80 desde la siembra, las plantas se recogieron y se dejaron secar a 30 °C en una cámara de secado. La biomasa y el peso de las semillas de cada parcela se separó, se midió y se dividió entre el número de plantas. El peso seco es = al peso total de la parte vegetativa por encima del suelo (excluyendo las raíces) después de secar a 30 °C en una cámara de secado; el Rendimiento de semilla por planta es = al peso de semilla total por planta (g).

El peso de 1000 semillas se determinó de la siguiente manera: las semillas se diseminaron en una bandeja de vidrio y se hizo una foto. Cada muestra se pesó y después, usando el análisis digital, se calculó el número de semillas de cada muestra. El peso de 1000 semillas se calculó usando la fórmula II:

Fórmula II

Peso de 1000 Semillas = número de semillas en la muestra/peso la muestra X 1000

Índice de Cosecha – El índice de cosecha se calculó usando la Fórmula III

Fórmula III:

Índice de Cosecha = Rendimiento de semilla promedio por planta/peso seco promedio

Cada construcción se validó en su generación T2. Como control se usaron plantas transgénicas que expresaban el gen indicador uidA (GUI) bajo el mismo promotor.

Analizadores estadísticos – Para identificar genes que conferían tolerancia significativamente mejorada al estrés abiótico o una arquitectura radicular alargada, los resultados obtenidos de las plantas transgénicas se compararon con los obtenidos de las plantas de control. Para identificar los genes y las construcciones con comportamiento superior, se analizaron por separado los resultados de los eventos de transformación independientes ensayados. Además, también se analizaron los genes y las construcciones teniendo en cuenta los resultados obtenidos en todos los eventos de transformación independientes ensayados en la construcción específica. Para los análisis de los genes frente a los controles, se aplicó el ensayo de la t de Student, usando una significación de $P < 0,05$ o de $P < 0,1$. Se usó el paquete informático estadístico JMP (Versión 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, NC, EE.UU.).

Resultados Experimentales

Las secuencias de polinucleótidos de la invención se ensayaron con respecto a diversos rasgos deseados.

Las Tablas 77-86 representan análisis del Área de Roseta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 77

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,58	B	0,58	B	
MAB20	0,59	B	0,84	A	43
MAB50	0,57	B	0,88	A	51

Tabla 77: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 78

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,27	B	1,27	B	
MAB20	1,20	B	1,73	a	36
MAB50	1,21	B	2,04	a	61

Tabla 78: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 79

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,62	B	3,62	B	
MAB20	3,97	B	5,18	A	43
MAB50	3,88	B	6,11	A	69

Tabla 79: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 80

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	7,22	B	7,22	B	
MAB50	6,75	B	10,18	A	41

Tabla 80: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 81

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,63	B	1,63	B	
MAB1	2,03	A	2,29	A	40
MAB6	1,34	B	2,40	A	47

Tabla 81: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

Tabla 82

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,88	B	2,88	B	
MAB1	3,41	A*	3,76	A	31

Tabla 82: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 83

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,73	B	0,73	B	
MAB1	0,77	B	0,91	A	25

Tabla 83: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 84

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,41	B	1,41	B	
MAB1	1,62	A*	2,02	A	44
NAB17	1,14	B	1,80	A	28

Tabla 84: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 85

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,37	B	2,37	B	
MAB1	2,59	B	3,56	A	50
MAB13	2,45	B	3,44	A	45
MAB17	1,96	C	3,10	A	31

Tabla 85: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 86

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,67	B	4,67	B	
MAB1	5,37	A*	7,93	A	70
MAB15	4,78	B	6,08	A	30
MAB17	4,02	B	6,19	A	32
MAB3_GA	4,39	B	6,07	A	30

Tabla 86: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior

Las Tablas 87-96 representan análisis del Diámetro de la Roseta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 87

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,50	B	1,50	B	
MAB50	1,35	B	1,80	A	20

Tabla 87: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior

Tabla 88

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,05	B	2,05	B	
MAB50	1,82	C	2,44	A	19

Tabla 88: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior

Tabla 89

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,23	B	3,23	B	
MAB50	3,16	B	4,12	A	27

Tabla 89: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 90

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,47	B	4,47	B	
MAB50	4,20	B	5,31	A	19

Tabla 90: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 91

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,25	B	2,25	B	
MAB1	2,60	A	2,78	A	23

Tabla 91: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 92

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,87	B	2,87	B	
MAB1	3,27	A*	9,25	A	223
MAB20	2,63	B	9,69	A	238
MAB6	2,51	B	10,00	A	249

Tabla 92: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 93

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,90	B	4,90	B	
MAB6	4,35	B	6,26	A	28

Tabla 93: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 94

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,05	B	2,05	B	
MAB1	2,22	B	2,55	A	25

Tabla 94: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

Tabla 95

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,56	B	2,56	B	
MAB1	2,78	B	3,29	A	29
MAB3 GA	2,56	B	3,04	A	19

Tabla 95: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 96

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,52	B	3,52	B	
MAB1	3,79	B	4,76	A	35
MAB17	3,24	B	4,14	A	17
MAB3 GA	3,44	B	4,12	A	17

Tabla 96: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

- 5 Las Tablas 97-105 representan análisis del Área Promedio Foliar en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 97

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,10	B	0,10	B	
MAB25	0,10	B	0,13	A	30

Tabla 97: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 98

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB50	0,15	B	0,23	A	45

Tabla 98: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 99

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,45	B	0,45	B	
MAB50	0,41	B	0,61	A	34

Tabla 99: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 100

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,74	B	0,74	B	
MAB50	0,66	B	0,92	A	25

Tabla 100: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 101

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB1	0,25	A	0,28	A	43
MAB6	0,18	B	0,30	A	51
MAB7	0,23	B	0,27	A	36

Tabla 101: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 102

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,69	B	0,69	B	
MAB1	0,80	A*	0,86	A*	24
MAB20	0,62	B	0,87	A	25
MAB6	0,59	B	0,99	A	44

Tabla 102: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 103

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB1	0,22	B	0,27	A	30
MAB17	-	-	0,25	A	21

Tabla 103: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

Tabla 104

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,28	B	0,28	B	
MAB1	0,30	B	0,37	A	33
MAB17	0,24	B	0,34	A	22

Tabla 104: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 105

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,49	B	0,49	B	
MAB1	0,55	B	0,76	A	53
MAB15	0,52	B	0,63	A	26
MAB17	0,45	B	0,64	A	28

Tabla 105: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

- 5 Las Tablas 106-111 representan análisis de la TCR del Área de Roseta [cm²] de plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 106

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,73	B	0,73	B	
MAB10	1,21	B	1,86	A	156
MAB14	1,31	B	1,80	A	149
MAB2	1,59	A	2,24	A	208
MAB20	1,87	A	2,33	A	221
MAB25	1,44	A	1,63	A*	125
MAB36	1,49	A	1,89	A	161
MAB43	1,73	A	3,85	A	430
MAB44	1,76	A	2,51	A	246
MAB50	1,37	A*	1,57	A*	117
MAB9	1,47	A	1,75	A	141

Tabla 106: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 107

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,61	B	0,61	B	
MAB10	0,75	A*	0,91	A	50
MAB14	0,79	A	0,86	B	42
MAB19	0,78	A	0,85	A	41
MAB2	0,80	A	0,93	A	54
MAB20	0,79	A	0,98	A	61
MAB36	0,83	A	0,95	A	56
MAB44	0,75	A*	0,84	A	38
MAB50	0,76	A*	0,83	B	38
MAB6	0,82	A	0,99	A	64
MAB7	0,78	A	0,87	A	44
MAB9	0,77	A	0,84	A	38

Tabla 107: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 108

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B	
MAB6	0,37	B	0,51	A	33

Tabla 108: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 109

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,88	B	0,88	B	
MAB18	0,99	A*	1,24	A	41

Tabla 109: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 110

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,47	B	0,47	B	
MAB1	0,55	A	0,64	A	38
MAB13	0,52	A	0,54	A*	16
MAB17	0,52	A	0,54	A*	17
MAB18	0,53	A	0,58	A	24
MAB3_GA	0,53	A	0,62	A	33
MAB32	0,52	A*	0,54	A*	17
MAB35	0,54	A	0,57	A	22
MAB4	0,51	A*	0,51	A*	10
MAB46	0,52	A*	0,55	A	19
MAB146	0,54	A	0,55	A	19
MAB99	0,53	A	0,57	A	23

Tabla 110: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 111

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,49	B	0,49	B	
MAB1	0,53	B	0,62	A	27
MAB35	0,57	A*	0,59	A*	22
MAB46	0,55	B	0,63	A	30

Tabla 111: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 112-118 representan análisis de la TCR del Diámetro de Roseta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 112

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,28	B			
MAB2	0,41	B	0,80	A	184
MAB43	0,46	B	0,83	A	195
MAB44	0,40	B	0,73	A	160

Tabla 112: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 113

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,19	B	0,19	B	
MAB1	0,22	B	0,24	B	25
MAB10	0,25	A	0,29	A	49
MAB14	0,23	A	0,25	A	31
MAB19	0,24	A	0,26	A	37
MAB2	0,24	A	0,26	A	34
MAB20	0,25	A	0,29	A	52
MAB25	0,24	A	0,27	A	42
MAB36	0,25	A	0,28	A	45
MAB43	0,22	B	0,25	B	28
MAB50	0,25	A	0,28	A	46
MAB6	0,24	A	0,27	A	41
MAB7	0,22	B	0,27	A	38
MAB9	0,23	A	0,26	A	34

Tabla 113: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 114

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,14	B	0,14	B	
MAB10	0,14	B	0,31	A	122
MAB20	0,13	B	0,21	A	49
MAB25	0,15	B	0,33	A	138
MAB9	0,15	B	0,20	A	45

Tabla 114: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 115

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,21	B	0,21	B	
MAB20	0,23	B	0,34	A	67
MAB9	0,22	B	0,44	A	114
Tabla 115: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 116

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB18	0,37	B	0,46	A	35
MAB3 GA	0,34	B	0,43	A	26
MAB35	0,43	A	0,55	A	62
MAB46	0,39	B	0,49	A	42
MAB99	0,34	B	0,43	A	26
Tabla 116: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

5

Tabla 117

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB1	0,22	A	0,26	A	66
MAB18	0,20	A*	0,23	A*	44
MAB46	0,25	A	0,45	A	185
MAB146	0,20	A*	0,22	A*	42
Tabla 117: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 118

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,08	B	0,08	B	
MAB35	0,10	B	0,13	A	57
MAB46	0,10	B	0,14	A	64
MAB146	0,10	B	0,14	A	66
MAB99	0,10	B	0,13	A	56
Tabla 118: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

10 Las Tablas 119-121 representan análisis de la TCR del Área Promedio Foliar [cm^2] en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento

independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 119

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,35	B	0,35	B	
MAB14	0,34	B	0,63	A	82
MAB25	0,44	B	0,83	A	137
MAB36	0,43	B	0,77	A	120
MAB6	0,24	B	0,70	A	102

Tabla 119: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 120

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,32	B	0,32	B	
MAB10	0,32	B	0,56	A	74

Tabla 120: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 121

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B	
MAB13	0,41	B	0,57	A	49
MAB15	0,46	A*	0,54	A	40
MAB17	0,46	A*	0,50	A*	30

Tabla 121: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

La Tabla 122 representa análisis de la TCR del Área Promedio Foliar [cm²] en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

15

Tabla 122

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,28	B	0,28	B	
MAB2	0,41	B	0,80	A	184
MAB43	0,46	B	0,83	A	195
MAB44	0,40	B	0,73	A	160

Tabla 122: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

La Tabla 123 representa análisis del Peso Seco (PS) por Parcela en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

20

Tabla 123

ID del Gen	Peso Seco [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,00	B	4,00	B	
MAB1	4,92	A	6,40	A	60
MAB134	4,35	B	5,35	A	34
MAB15	4,42	B	5,57	A	39
MAB18	4,52	B	5,35	A	34
MAB3 GA	4,53	B	5,47	A	37

Tabla 123: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior

Las Tablas 124-126 representan análisis del Peso de 1000 Semillas en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 124

ID del Gen	Peso de 1000 Semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB14	0,02	B	0,03	A	32
MAB19	0,02	B	0,03	A	27
MAB2	0,02	B	0,03	A	24
MAB6	0,03	A	0,03	A	53

Tabla 124: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 125

ID del Gen	Peso de 1000 Semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB20	0,02	A*	0,02	A	17
MAB25	0,02	B	0,02	A	20
MAB6	0,02	A*	0,02	A	21
MAB7	0,02	B	0,02	A	21
MAB9	0,02	B	0,02	A	19

Tabla 125: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 126

I	Peso de 1000 Semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	% de mejora del mejor evento	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB100	0,02	B	0,02	A	28
MAB134	0,02	B	0,02	A	26
MAB17	0,02	B	0,02	A	23
MAB18	0,02	B	0,02	A	17
MAB32	0,02	B	0,02	A	13
MAB4	0,02	B	0,02	A	19
MAB46	0,02	B	0,02	A	18
MAB99	0,02	B	0,02	A	15

Tabla 126: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa

I	Peso de 1000 Semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	% de mejora del mejor evento	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior					

Las Tablas 127-129 representan análisis del Rendimiento de Semillas por Planta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 127

ID del Gen	Rendimiento de Semillas por Planta [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,07	B	0,07	B	
MAB44	0,11	B	0,22	A	210
MAB50	0,11	B	0,19	A	170
Tabla 127: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 128

ID del Gen	Rendimiento de Semillas por Planta [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,09	B	0,09	B	
MAB6	0,11	A*	0,21	A	142
MAB9	0,09	B	0,14	A	59
Tabla 128: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 129

ID del Gen	Rendimiento de Semillas por Planta [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,14	B	0,14	B	
MAB1	0,19	A	0,33	A	139
MAB100	0,17	B	0,24	A	79
Tabla 129: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior					

La Tabla 130 representa análisis del Índice de Cosecha en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 130

ID del Gen	Índice de Cosecha NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB25	0,16	B	0,26	A	139
MAB44	0,20	A*	0,30	A	174
MAB7	0,12	B	0,29	A	172
Tabla 130: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.					

ID del Gen	Índice de Cosecha NaCl 80 mM				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Las Tablas 131-140 representan análisis del Área de Roseta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 131

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,37	B	1,37	B	
MAB1	1,43	B	1,80	A	31
MAB9	1,32	B	1,74	A	27
Tabla 131: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 132

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,73	B	4,73	B	
MAB1	4,95	B	6,45	A	36
Tabla 132: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 133

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	8,45	B	8,45	B	
MAB1	8,87	B	11,11	A	31
Tabla 133: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 134

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,65	B	1,65	B	
MAB1	2,09	A	2,27	A	37
MAB36	1,65	B	2,58	A	56
MAB7	1,83	B	2,81	A	70
Tabla 134: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 135

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,93	B	2,93	B	
MAB1	3,60	A*	3,78	A*	29

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
MAB36	2,91	B	4,55	A	55
MAB7	3,14	B	4,69	A	60

Tabla 135: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 136

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	7,73	B	7,73	B	
MAB1	9,77	A	10,58	A	37
MAB36	8,05	B	12,12	A	57
MAB7	8,69	B	12,82	A	66

Tabla 136: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 137

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,55	B	0,55	B	
MAB1	0,58	B	0,81	A	47
MAB100	0,60	B	0,74	A	34
MAB15	0,65	A*	0,90	A	64
MAB17	0,55	B	0,85	A	55

Tabla 137: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 138

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,03	B	1,03	B	
MAB1	1,17	B	1,54	A	49
MAB100	1,18	B	1,46	A	42
MAB15	1,23	A	1,67	A	62
MAB17	1,01	B	1,59	A	54

Tabla 138: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 139

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,09	B	2,09	B	
MAB1	2,46	B	3,43	A	64
MAB100	2,29	B	2,81	A	34
MAB15	2,60	A	3,63	A	73
MAB17	2,06	B	3,35	A	60

Tabla 139: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 140

ID del Gen	Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	4,81	B	4,81	B	
MAB1	5,57	A*	8,29	A	72
MAB15	5,72	A	8,05	A	67
MAB17	4,78	B	7,50	A	56

Tabla 140: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5 Las Tablas 141-148 representan análisis del Diámetro de Roseta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 141

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,52	B	3,52	B	
MAB1	3,58	B	4,17	A	18

Tabla 141: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

Tabla 142

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,28	B	2,28	B	
MAB36	2,23	B	2,91	A	28
MAB7	2,47	B	3,11	A	36

Tabla 142: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 143

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,99	B	2,99	B	
MAB7	3,24	B	4,08	A	36

Tabla 143: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 144

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	5,00	B	5,00	B	
MAB1	5,65	A*	5,87	A*	17
MAB7	5,06	B	6,32	A	26

Tabla 144: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

15

Tabla 145

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,30	B	1,30	B	
MAB15	1,48	A	1,69	A	30
MAB17	1,33	B	1,60	A	23

Tabla 146: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 146

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,87	B	1,87	B	
MAB1	1,86	B	2,21	A	18
MAB15	1,96	B	2,29	A	22
MAB17	1,78	B	2,26	A	21

Tabla 146: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 147

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	2,49	B			
MAB1	2,60	B	3,14	A	26
MAB15	2,64	B	3,17	A	27
MAB17	2,39	B	3,09	A	24

Tabla 147: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 148

ID del Gen	Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	3,49	B	3,49	B	
MAB1	3,88	A*	4,81	A	38
MAB 15	3,78	B	4,52	A	29
MAB17	3,53	B	4,45	A	27

Tabla 148: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 149-157 representan análisis del Área Promedio Foliar en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 149

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,17	B	0,17	B	
MAB1	0,17	B	0,21	A	27

Tabla 149: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 150

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,51	B	0,51	B	
MAB1	0,52	B	0,69	A	35

Tabla 150: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.

Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 151

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,19	B	0,19	B	
MAB1	0,25	A	0,27	A	38
MAB36	0,20	B	0,31	A	58
MAB7	0,23	A*	0,33	A	67

Tabla 151: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.

Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 152

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,32	B	0,32	B	
MAB1	0,38	B	0,43	A	34
MAB36	0,32	B	0,46	A	43
MAB7	0,33	B	0,47	A	45

Tabla 152: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.

Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 153

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,69	B	0,69	B	
MAB36	0,69	B	0,93	A	36
MAB7	0,79	B	1,17	A	71

Tabla 153: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.

Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

Tabla 154

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB1	0,12	B	0,15	A	28
MAB15	0,13	B	0,17	A	53
MAB17	0,11	B	0,15	A	34

Tabla 154: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 155

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB1	0,17	B	0,21	A	26
MAB100	0,18	B	0,21	A	30
MAB15	0,18	A*	0,23	A	39
MAB17	0,16	B	0,22	A	35
Tabla 155: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 156

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,24	B	0,24	B	
MAB1	0,28	A*	0,37	A	50
MAB 15	0,29	A*	0,37	A	53
MAB17	0,25	B	0,34	A	40
Tabla 156: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

5

Tabla 157

ID del Gen	Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,54	B	0,54	B	
MAB1	0,57	B	0,80	A	49
MAB15	0,59	B	0,78	A	45
MAB17	0,51	B	0,74	A	37
Tabla 157: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

10

Las Tablas 158-166 representan análisis de la TCR del Área de Roseta [cm²] de plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 158

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	1,73	B	1,73	B	
MAB20	2,18	B	3,62	A	109
MAB43	2,04	B	3,80	A	119
MAB50	2,25	B	3,81	A	120
Tabla 158: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

15

Tabla 159

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,48	B	0,48	B	
MAB2	0,58	A*	0,70	A	45
MAB43	0,62	A	0,75	A	56
MAB6	0,52	B	0,72	A	50

Tabla 159: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 160

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,84	B	0,84	B	
MAB50	0,87	B	0,99	A	18
MAB6	0,87	B	1,06	A	26

Tabla 160: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 161

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B	
MAB10	0,44	B	0,54	A	37
MAB36	0,45	B	0,51	A	30
MAB50	0,45	A*	0,53	A	35
MAB6	0,44	B	0,60	A	51
MAB7	0,43	B	0,50	A	27

Tabla 161: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 162

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B	
MAB20	0,38	B	0,50	A	28
MAB25	0,39	B	0,53	A	38

Tabla 162: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 163

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,55	B	0,55	B	
MAB10	0,64	A*	0,71	A*	30
MAB2	0,63	A*	0,70	A	28
MAB20	0,63	A*	0,67	A*	21
MAB25	0,64	A	0,73	A	32
MAB44	0,65	A	0,77	A	41
MAB50	0,70	A	0,83	A	51
MAB6	0,63	A*	0,81	A	48

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
MAB7	0,61	B	0,73	A	34
MAB9	0,60	B	0,69	A	26

Tabla 163: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 164

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,45	B	0,45	B	
MAB13	0,63	A	0,68	A*	49
MAB32	0,50	B	0,74	A	64
MAB46	0,52	B	0,75	A	65
MAB146	0,64	A	0,88	A	94
MAB99	0,52	B	0,73	A	61

Tabla 164: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 165

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB1	0,36	B	0,45	A	31
MAB99	0,33	B	0,43	A	28

Tabla 165: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 166

ID del Gen	TCR del Área de Roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,66	B	0,66	B	
MAB13	0,73	B	0,81	A	23
MAB3 GA	0,70	B	0,85	A	29
MAB32	0,70	B	0,86	A	31
MAB99	0,68	B	0,82	A	25

Tabla 166: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10 Las Tablas 167-175 representan análisis de la TCR del Diámetro de Roseta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 167

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B	
MAB50	0,70	A*	1,50	A	251
MAB6	0,45	B	1,21	A	183

Tabla 167: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 168

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB10	0,19	A*	0,21	A*	28
MAB19	0,20	A	0,23	A	45
MAB36	0,18	B	0,21	A	32
MAB50	0,17	B	0,23	A	42
MAB6	0,18	B	0,25	A	57
MAB7	0,18	B	0,24	A	52

Tabla 168: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 169

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,25	B	0,25	B	
MAB10	0,28	A	0,30	A	19
MAB14	0,27	B	0,31	A	23
MAB19	0,28	A	0,32	A	29
MAB2	0,27	B	0,30	A	21
MAB20	0,27	B	0,29	A	18
MAB36	0,27	A*	0,32	A	28
MAB43	0,25	B	0,26	B	5
MAB44	0,26	B	0,30	A	21
MAB50	0,27	B	0,30	A	21
MAB7	0,28	A*	0,29	A	17
MAB9	0,27	A*	0,30	A	20

Tabla 169: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 170

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,17	B	0,17	B	
MAB19	0,19	A*	0,23	A	31
MAB2	0,20	A	0,23	A	32
MAB20	0,19	A	0,23	A	33
MAB43	0,19	B	0,21	A	24
MAB44	0,18	B	0,22	A	25
MAB50	0,20	A	0,23	A	32
MAB6	0,19	A*	0,24	A	42
MAB9	0,18	B	0,21	A	25

Tabla 170: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 171

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB50	0,19	B	0,22	A	42
MAB6	0,15	B	0,24	A	49

Tabla 171: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 172

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,22	B	0,22	B	
MAB2	0,26	A*	0,28	A	27
MAB20	0,26	B	0,30	A	33
MAB25	0,26	A*	0,29	A*	31
MAB43	0,24	B	0,29	A	29
MAB44	0,25	B	0,29	A	31

Tabla 172: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 173

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,29	B	0,29	B	
MAB100	0,37	A*	0,51	a	74
MAB13	0,38	A	0,58	A	95
MAB15	0,36	A	0,45	A	54
MAB18	0,36	A*	0,38	A*	28
MAB3 GA	0,43	A	0,60	A	105
MAB35	0,39	A	0,44	A	50
MAB46	0,31	B	0,49	A	65
MAB146	0,35	A	0,44	A	50

Tabla 173: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 174

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB1	0,13	A*	0,16	A	49
MAB13	0,13	A*	0,16	A	41
MAB18	0,14	A	0,16	A	45
MAB32	0,13	B	0,15	A	39
MAB146	0,16	A	0,19	A	72
MAB99	0,12	B	0,15	A	40

Tabla 174: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 175

ID del Gen	TCR del Diámetro de Roseta [cm] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB1	0,25	A	0,27	A	30
MAB17	0,24	A	0,26	A*	25
MAB18	0,25	A	0,31	A	51
MAB35	0,25	A	0,28	A	36
MAB146	0,25	A	0,28	A	36
MAB99	0,24	A	0,29	A	44

Tabla 175: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 176-178 representan análisis de la TCR del Área Promedio Foliar [cm²] en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 176

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB10	0,35	B	0,52	A	56
MAB36	0,40	B	0,52	A	55
MAB7	0,37	B	0,50	A	49

Tabla 176: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 177

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B	
MAB13	0,34	A*	0,39	A*	70
MAB146	0,35	A*	0,50	A	117
MAB99	0,26	B	0,44	A	89

Tabla 177: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 178

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B	
MAB10	0,47	A	0,51	A*	35
MAB2	0,41	B	0,49	A	29
MAB25	0,43	B	0,55	A	44
MAB50	0,47	A	0,53	A	41
MAB7	0,45	A*	0,50	A*	31
MAB9	0,43	B	0,54	A	41

Tabla 178: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 179-180 representan análisis de la TCR de Área Promedio Foliar [cm²] en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 179

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,31	B	0,31	B	
MAB19	0,35	B	0,48	A	56
MAB43	0,39	B	0,52	A	70
MAB6	0,28	B	0,50	A	62

Tabla 179: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 180

ID del Gen	TCR del Área Promedio Foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,69	B	0,69	B	
MAB14	0,72	B	0,92	A	32
MAB6	0,69	B	0,96	A	38

Tabla 180: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10 Las Tablas 181-182 representan análisis de Peso Seco (PS) por parcelas en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

15

Tabla 181

ID del Gen	Peso seco [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	7,75	B	7,75	B	
MAB36	10,37	A*	13,21	A	71

Tabla 181: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 182

ID del Gen	Peso seco [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	5,23	B	5,23	B	
MAB1	6,81	A	8,09	A	55
MAB13	6,08	B	7,61	A	45
MAB18	6,10	B	8,18	A	56
MAB99	6,51	A*	8,42	A	61

Tabla 182: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

20 Las Tablas 183-185 representan análisis del Peso de 1000 Semillas en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 183

ID del Gen	Peso de 1000 Semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB19	0,02	B	0,03	A	23
MAB2	0,02	B	0,03	A	44
MAB20	0,02	A	0,04	A	71
MAB36	0,02	B	0,03	A	24
MAB50	0,02	B	0,03	A	32
MAB6	0,02	B	0,03	A	22
MAB9	0,02	A	0,02	A	19

Tabla 183: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 184

ID del Gen	Peso de 1000 Semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB20	0,02	A*	0,02	A	17
MAB6	0,02	A*	0,02	A	21

Tabla 184: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tabla 185

ID del Gen	Peso de 1000 Semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB100	0,02	B	0,02	A	23
MAB17	0,02	A	0,03	A	33
MAB18	0,02	B	0,02	A	18
MAB35	0,02	B	0,02	A	28
MAB46	0,02	A	0,02	A	21
MAB99	0,02	A	0,03	A	37

Tabla 185: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 186-187 representan análisis del Rendimiento de Semilla por Planta en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 186

Id del Gen	Rendimiento de Semilla por Planta [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B	
MAB1	0,50	B	0,61	A	61
MAB10	0,46	B	0,59	A	53
MAB14	0,50	A*	0,60	A	57
MAB36	0,52	A	0,68	A	77
MAB50	0,46	B	0,60	A	56

Tabla 186: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 187

Id del Gen	Rendimiento de Semilla por Planta [g] Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,32	B	0,32	B	
MAB1	0,41	A*	0,49	A	53
MAB13	0,43	A	0,55	A	69
MAB18	0,39	B	0,49	A	53
MAB32	0,41	B	0,50	A	56
MAB35	0,41	A*	0,50	A	57
MAB99	0,41	A*	0,51	A	57

Tabla 187: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

- 5 La Tabla 188 representa análisis del Índice de Cosecha en plantas que sobreexpresan los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada Tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B), son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 188

Id del Gen	Índice de Cosecha Condiciones normales				
	LSM	Significación	LSM del mejor evento	Significación	% de mejora del mejor evento
GUI	0,48	B	0,48	B	
MAB17	0,46	B	0,62	A	28

Tabla 188: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$.
Las SEC ID Nos de los genes clonados (de acuerdo con el ID del gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

10

EJEMPLO 8

TRANSFORMACIÓN DE PLANTAS DE TOMATE M82 CON SUPUESTOS GENES DE TEAB

- 15 Para la transformación del tomate, semillas M82 de tomate se esterilizaron previamente con hipocloruro de sodio al 3 % + 2-3 gotas de Tween 20 (Polisorbato 20). Las semillas se lavaron 3 veces con agua destilada estéril. Después las semillas germinaron en medio de Nitsch al 100% y germinaron durante 8 días en una sala de cultivo a 25 °C en la oscuridad. Después, las plántulas se cortaron con un tallo de 2-4 cm y se insertaron en placas de Petri de 10 cm que se cargaron con 30-40 ml de medio líquido MS. Después, los cotiledones se cortaron y se usaron como explantes y posteriormente se transfirieron a medio solidificado KCMS con acetosiringona 100 μ M en una placa de Petri de 10 cm. Los explantes se inocularon con *A. tumefaciens* durante 30-50 minutos. Los explantes se co-cultivaron durante 24 horas y se transfirieron a medio de regeneración que incluía Kanamicina como medio de selección. Las plántulas resistentes regeneradas se transfirieron después a un medio de enraizamiento durante 10-14 días hasta la aparición de las raíces.

EJEMPLO 9

CRECIMIENTO DE PLANTAS DE TOMATE M82 TRANSFORMADAS Y CARACTERIZACIONES FENOTÍPICAS

Procedimientos Experimentales

- 30 *Producción de plantas de tomate transgénicas* – Las plantas se transformaron como se ha descrito en el Ejemplo 8, anterior. Después de la transformación, las plantas de tomate T1 M82 se cultivaron hasta el establecimiento del fruto. Las semillas T2 se han introducido en experimentos para evaluar la resistencia al estrés abiótico.

Resultados Experimentales

- 35 *Ensayo 1 – Ensayo de campo en tomate con regímenes de déficit hídrico y regular* – Se proyectó un ensayo de campo en tomate como un sistema de riego por goteo de una fuente (RGUF) similar al de un campo agrícola convencional. Dado que el déficit hídrico se aplicó de una manera relativamente uniforme, esto permitió medir el efecto de la sequía en poblaciones de plantas de pequeño tamaño. El método RGUF se desarrolló en base a un sistema de riego por aspersión de fuente en línea (Hanks et al. 1976 Soil Sci. Soc Am. J. 40 págs. 426-429) con algunas modificaciones significativas. En lugar de riego por aspersión, se usó riego por goteo. Para crear una capa

40

húmeda profunda y uniforme (al menos de una profundidad de 60 cm), y no la capa en forma de cebolla que se crea típicamente mediante riego por goteo, se usó un sistema de riego por goteo con compensación de baja presión. Este sistema permite proporcionar pequeñas cantidades de agua en un intervalo de tiempo relativamente largo. El ensayo de campo de estrés por sequía se realizó en un suelo iluminado, en un campo abierto (casa de malla) cerca de Rehovot, Israel. Se evaluaron entre 4 a 5 eventos por cada gen y se usaron poblaciones de segregación nula como controles negativos. Durante las tres primeras semanas, todas las plantas se desarrollaron en un vivero en condiciones de riego normales. Después de este periodo, las plantas se trasplantaron de acuerdo con un protocolo de cultivo comercial, que mantenía una distancia de 30 cm entre las plantas que alcanzaban una densidad total de 2.600 plantas por 1000 m² (la densidad recomendada en los cultivos comerciales). Cada planta se trasplantó cerca de un gotero de riego de agua y posteriormente se sometió a dos tratamientos diferentes:

Óptimo (100 %): condiciones de riego óptimas (100 %). El riego se aplicó cada 2 días como un suministro de agua estándar recomendado. El suministro de agua estándar recomendado es la cantidad aplicada por los agricultores comerciales locales de acuerdo con protocolos estándar.

Estrés grave (50 %): Una vez al día se aplicó el 50 % de la cantidad de riego de agua óptima (al mismo tiempo que se aplicaba riego regular).

Todos los fertilizantes se aplicaron de acuerdo con los protocolos estándar locales. El nitrógeno se aplicó del mismo modo, según se recomienda, a todos los tratamientos a través del sistema por riego. Cada hilera, de 193 cm de anchura, contenía dos líneas de riego por goteo creando una cobertura de seis goteros por 1 m². El control del riego se realizó individualmente en cada tratamiento. El experimento se estructuró en un diseño de 4 bloques distribuidos al azar, ocho plantas por parcela. Los diferentes regímenes hídricos comenzaron al cabo de tan solo cuatro semanas del trasplante de los árboles, cuando las plantas comenzaban la fase de floración. La disponibilidad hídrica en el suelo se registró usando tensiómetros (usados para determinar el potencial hídrico matricial ψ_m que permite evaluar la gravedad del estrés).

Ensayo 2 – Experimento de baño salino en el tomate – Se sembraron semillas de tomate transgénicas en bandejas que contenían medio de cultivo desnitrificado. Las plántulas germinaron en condiciones de vivero. Se usó el modelo experimental de 3 bloques distribuidos al azar, en el que en cada bloque se sembraron 10 plantas por evento. En la fase de primera hoja verdadera, las bandejas se transfirieron a diferentes “tanques” que contenían solución de cultivo de NaCl 300 mM. Para el tratamiento normal, se aplicó una solución completa de Hoagland. Se evaluaron 5 eventos para cada gen, usando, como controles negativos poblaciones segregantes anuladas. El experimento se realizó durante un periodo de 8 semanas, midiendo parámetros tales como el contenido de clorofila (medido como unidades SPAD, *Soil Plant Analysis Development*) y la biomasa de las plantas (PF y PS).

Aunque la invención se ha descrito junto con sus realizaciones específicas, es obvio que aparecerán muchas alternativas, modificaciones y variaciones para los expertos en la técnica. Por consiguiente, se pretende incluir todas estas alternativas, modificaciones y variaciones que se encuentran dentro del espíritu y amplio alcance de las reivindicaciones adjuntas.

REFERENCIAS CITADAS

(Anteriormente en el presente documento se han citado referencias adicionales)

1. Red Informática Mundial WWW (.) fao (.) org/ag/agl/agll/spush/degred (.) htm.
2. Red Informática Mundial WWW (.) fao (.) org/ag/agl/aglw/watermanagement/introduc (.) stm.
3. McCue KF, Hanson AD (1990). Drought and salt tolerance: towards understanding and application. Trends Biotechnol 8: 358-362.
4. Flowers TJ, Yeo Ar (1995). Breeding for salinity resistance in crop plants: where next? Aust J Plant Physiol 22: 875-884.
5. Nguyen BD, Brar DS, Bui BC, Nguyen TV, Pham LN, Nguyen HT (2003). Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from the new source, ORYZA RUFIOGON Griff., into indica rice (*Oryza sativa* L.). Theor Appl Genet. 106: 583-93.
6. Sanchez AC, Subudhi PK, Rosenow DT, Nguyen HT (2002). Mapping QTLs associated with drought resistance in sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). Plant Mol Biol. 48: 713-26.
7. Quesada V, García-Martínez S, Piqueras P, Ponce MR, Micol JL (2002). Genetic architecture of NaCl tolerance in *Arabidopsis*. Plant Physiol. 130: 951-963.
8. Apse MP, Blumwald E (2002). Engineering salt tolerance in plants. Curr Opin Biotechnol. 13: 146-150.
9. Rontein D, Basset G, Hanson AD (2002). Metabolic engineering of osmoprotectant accumulation in plants. Metab Eng 4: 49-56.
10. Clough SJ, Bent AF (1998). Floral dip: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*. Plant J 16: 735-43.
11. Desfeux C, Clough SJ, Bent AF (2000). Female reproductive tissues are the primary target of *Agrobacterium* mediated transformation by the *Arabidopsis* floral-dip method. Plant Physiol 123: 895-904.

Contenido del CD-ROM (Disco Compacto Solamente Para Lectura)

A continuación se indica el listado del contenido de los archivos del CD-ROM que se adjunta con la presente memoria y se presenta con la solicitud. La información del archivo se proporciona como: nombre del archivo/tamaño en bytes/fecha de creación/sistema operativo/formato del equipo.

5 CD-ROM1 (1 archivo de LISTADO DE SECUENCIAS):

1. "43562 Sequence Listing.txt"/ 3,856,000 bytes/ July 24, 2008/ Microsoft Windows XP Professional/ PC.

REIVINDICACIONES

1. Un método para aumentar la biomasa, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y/o la tolerancia al estrés abiótico de una planta en comparación con la biomasa, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y/o la tolerancia al estrés abiótico de una planta no transgénica, en el que el estrés abiótico se selecciona del grupo que consiste en estrés osmótico, estrés salino y déficit de nitrógeno, comprendiendo el método la sobreexpresión en la planta de un polinucleótido exógeno que codifica el polipéptido SEC ID N°: 201 o un ortólogo del mismo que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene una homología de al menos 80 % con la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 201, en el que dicho polipéptido es capaz de aumentar la biomasa, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y/o la tolerancia al estrés abiótico de una planta, en el que el estrés abiótico se selecciona del grupo que consiste en estrés osmótico, estrés salino y déficit de nitrógeno, en el que dicho polinucleótido exógeno está comprendido en una construcción de ácido nucleótido que adicionalmente comprende un promotor para dirigir la transcripción de dicho polinucleótido exógeno en una célula de una planta, siendo dicho promotor un promotor constitutivo, un promotor específico de tejido, o un promotor inducible por un estrés abiótico, aumentando así la biomasa, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y/o la tolerancia al estrés abiótico de la planta en comparación con la biomasa, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y/o la tolerancia al estrés abiótico de la planta no transgénica.
2. El método de la reivindicación 1, en el que dicha secuencia de aminoácidos tiene una homología de al menos 86 % con la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 201.
3. El método de la reivindicación 1, en el que dicha secuencia de aminoácidos tiene una homología de al menos 95 % con la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 201.
4. El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que dicho polinucleótido exógeno codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 201.
5. El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que dicho promotor es un promotor constitutivo.
6. El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que dicho polinucleótido exógeno se expone en la SEC ID N°: 1530, 1 o 1531.
7. El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que dicho polinucleótido es heterólogo de dicha planta.
8. El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, que comprende adicionalmente cultivar la planta que expresa dicho polinucleótido exógeno bajo estrés abiótico.
9. El método de la reivindicación 1, en el que dicho ortólogo comprende la secuencia de aminoácidos expuesta en la SEC ID N°: 289.

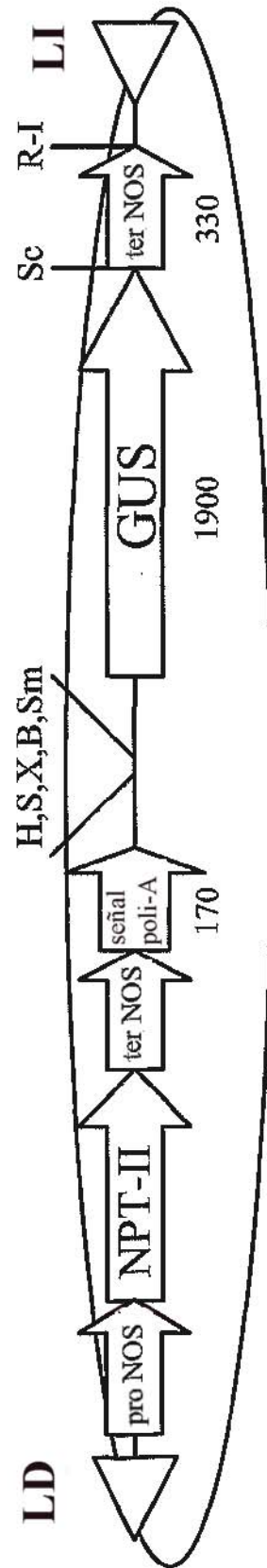


FIG. 1

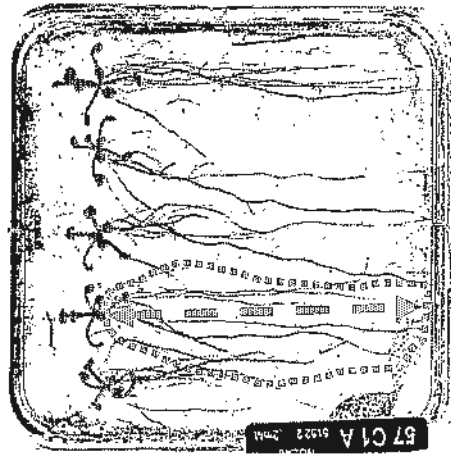


Fig. 2b

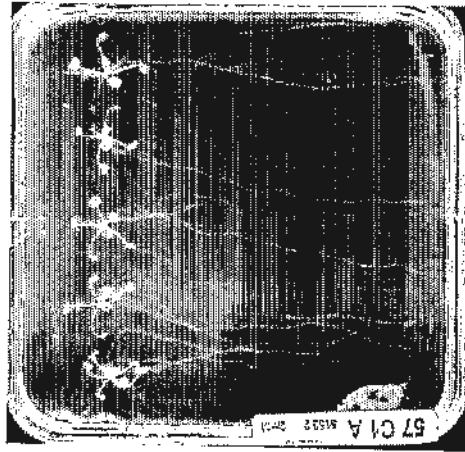


Fig. 2a