(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 553 384**

(51) Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)
A01H 5/10 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **30.03.2007** **E 11194328 (8)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **19.08.2015** **EP 2436771**

(54) Título: **Plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y un procedimiento de producción de las mismas**

(30) Prioridad:

07.04.2006 US 79011606 P
07.04.2006 US 79015106 P
14.04.2006 US 79222506 P
08.05.2006 US 79860206 P
19.05.2006 US 80168706 P
15.02.2007 US 88995807 P
31.03.2006 EP 06075822
31.03.2006 EP 06075823
10.04.2006 EP 06075918
27.04.2006 EP 06075957
18.05.2006 EP 06114140
14.07.2006 EP 06117235
19.01.2007 EP 07100833

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
09.12.2015

(73) Titular/es:

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

(72) Inventor/es:

FRANKARD, VALERIE;
REUZEAU, CHRISTOPHE y
SANZ MOLINERO, ANA ISABEL

(74) Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 553 384 T3

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

DESCRIPCIÓN

Plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y un procedimiento de producción de las mismas

La presente invención se refiere, en general, al campo de la biología molecular y se refiere a un procedimiento para aumentar el rendimiento de las semillas y / o la biomasa aérea mediante el aumento de la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un factor de transcripción SPL15. La presente divulgación también se refiere a plantas que tienen la expresión aumentada de un ácido nucleico que codifica un factor de transcripción SPL15, plantas que tienen un mayor rendimiento de semillas y/o biomasa aérea en comparación con las correspondientes plantas de tipo silvestre u otras plantas control. La invención también proporciona construcciones útiles en los procedimientos de la invención.

La población mundial en crecimiento y el suministro menguante de tierra arable disponible para agricultura está estimulando la investigación hacia el incremento de la eficiencia de la agricultura. Los medios convencionales para mejoras de cultivos y horticultura usan técnicas de siembra selectivas para identificar plantas que tengan características deseables. No obstante, dichas técnicas selectivas tienen varios inconvenientes, es decir, estas técnicas normalmente son muy laboriosas y dan lugar a plantas que a menudo contienen componentes genéticos heterogéneos que no siempre pueden hacer que el rasgo deseable se pase de las plantas parentales Los avances en biología molecular han permitido que la humanidad modifique el plasma germinal de los animales y las plantas. La ingeniería genética de las plantas implica el aislamiento y manipulación del material genético (típicamente en forma de ADN o ARN) y la introducción posterior de ese material genético en una planta. Dicha tecnología tiene la capacidad de producir cultivos o plantas que tienen diversos rasgos económicos, agronómicos u hortícolas mejorados.

Un rasgo de interés económico particular es el aumento del rendimiento. El rendimiento se define normalmente como el producto medible de valor económico de un cultivo. Esto puede definirse en términos de cantidad y/o calidad. El rendimiento depende directamente de varios factores, por ejemplo, del número y tamaño de los órganos, de la arquitectura de la planta (por ejemplo, el número de ramas), de la producción de semillas, de la senescencia de la hoja y más. El desarrollo de las raíces, la absorción de nutrientes, la tolerancia al estrés y el vigor inicial también pueden ser factores importantes para determinar el rendimiento. Por lo tanto, optimizar los factores mencionados anteriormente puede contribuir a incrementar el rendimiento de una cosecha.

El rendimiento de semillas es un rasgo particularmente importante, ya que las semillas de muchas plantas son importantes para la nutrición de seres humanos y animales. Cosechas tales como maíz, arroz, trigo, canola y soja representan más de la mitad del aporte calórico total de los seres humanos, ya sea a través del consumo directo de las propias semillas o a través del consumo de productos alimenticios generados con semillas procesadas. También son una fuente de azúcares, aceites y muchos tipos de metabolitos usados en procedimientos industriales. Las semillas contienen un embrión (la fuente de nuevos vástagos y raíces) y un endospermo (la fuente de nutrientes para el crecimiento del embrión durante la germinación y durante el crecimiento inicial de las plántulas). El desarrollo de una nueva semilla implica muchos genes y requiere la transferencia de metabolitos desde las raíces, las hojas y los tallos hasta la semilla en crecimiento. El endospermo, en particular, asimila los precursores metabólicos de carbohidratos, aceites y proteínas y los sintetiza como macromoléculas de almacenamiento para engordar el grano.

Otro rasgo importante para muchos cultivos es el vigor inicial. La mejora del vigor inicial es un importante objetivo de los modernos programas de cultivo del arroz en variedades cultivadas de arroz tanto en climas templados como tropicales. Las raíces largas son importantes para el anclaje apropiado al suelo en arroz sembrado en agua. Cuando el arroz se siembra directamente en campos anegados y cuando las plantas deben emerger rápidamente a través del agua, los vástagos más largos se asocian al vigor. Cuando se practica la siembra en línea, los mesocotilos y los coleóptilos más largos son importantes para una buena emergencia de las plántulas. La capacidad para manipular genéticamente el vigor inicial en plantas sería de gran importancia en la agricultura. Por ejemplo, un vigor inicial escaso ha sido una limitación para la introducción de híbridos de maíz (Zea mays L.) basados en el germoplasma de Corn Belt en la Europa atlántica.

Otro rasgo importante es el de la tolerancia mejorada al estrés abiótico. El estrés abiótico es una causa principal de pérdida de cosechas en todo el mundo, reduciendo los rendimientos medios para la mayoría de las plantas de cultivo principales en más de 50% (Wang y col., Planta (2003) 218: 1–14). Los estreses abióticos pueden estar provocados por sequía, salinidad, extremos de temperatura, toxicidad química y estrés oxidativo. La capacidad para mejorar la tolerancia de las plantas al estrés abiótico sería de un gran beneficio económico para los agricultores de todo el mundo y permitiría el cultivo de cosechas en condiciones adversas y en territorios en los que el cultivo de las cosechas no es posible de otro modo.

Por lo tanto, el rendimiento de las cosechas puede incrementarse optimizando uno de los factores mencionados anteriormente.

Dependiendo del uso final, la modificación de ciertos rasgos de rendimiento puede favorecerse sobre otros. Por ejemplo, para aplicaciones tales como la producción de forraje o madera, o fuente de biocombustibles, puede ser

deseable un incremento en las partes vegetativas de una planta, y para aplicaciones tales como producción de harina, almidón o aceite, puede ser particularmente deseable un incremento en los parámetros de las semillas. Incluso entre los parámetros de las semillas, algunos pueden ser favorecidos sobre otros, dependiendo de la aplicación. Diversos mecanismos pueden contribuir a incrementar el rendimiento de las semillas, ya sea en forma de tamaño incrementado de las semillas o en el número incrementado de semillas.

Un enfoque para incrementar el rendimiento (rendimiento de semillas y/o biomasa) en plantas puede ser a través de la modificación de los mecanismos de crecimiento inherentes de una planta, tales como el ciclo celular o diversas rutas de señalización implicadas en el crecimiento de las plantas o en mecanismos de defensa.

Ahora se ha comprobado que pueden aumentarse el rendimiento de semillas y/o la biomasa aérea en plantas aumentando la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un factor de transcripción SLP15.

Antecedentes

Los factores de transcripción normalmente se definen como proteínas que se unen a elementos reguladores en cis (por ejemplo, un potenciador, una caja TATA) y que, en asociación con la ARN polimerasa, son capaces de activar y/o reprimir la transcripción. El genoma de *Arabidopsis* codifica al menos 1.533 reguladores de la transcripción, que representan el ~5,9 % de su número total estimado de genes (Riechmann y col., 2000 (Science Vol. 290, 2105–2109)).

Los polipéptidos del factor de la transcripción de la proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL) son proteínas estructuralmente diversas que comparten un dominio de unión al ADN (DBD) muy conservado de aproximadamente 80 restos de aminoácidos de longitud (Klein y col., (1996) Mol Gen Genet 259: 7–16; Cardon y col., (1999) Gene 237: 91–104). El sitio de unión a la secuencia consenso del ADN del factor de la transcripción de SPL en el promotor de genes diana es 55'–TNCGTACAA–3', en la que N representa cualquier base. Dentro del DBD de SPL hay diez restos de cisteína (Cys) o histidina (His) conservados (véase la Figura 23) de los cuales ocho son restos de coordinación del cinc que se unen a dos iones de cinc necesarios para la formación de la estructura terciaria del dedo de cinc específico de SPL (Yamasaki y col., (2004) J Mol Biol 337: 49–63). Una segunda característica conservada dentro del DBD de SPL es una señal de localización nuclear bipartita. Fuera del DBD, en la mayoría de las secuencias de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos de factores de transcripción de SPL (bien en la región codificante o en la 3' UTR) en todo el reino vegetal (Rhoades y col. (2002) Cell 110: 513-520), se encuentra un motivo diana de micro ARN (miARN), dirigido específicamente por la familia miR156 de los miARN. Los miARN controlan la expresión de los genes de SPL postranscripcionalmente dirigiendo los ARNm que codifican la SPL para degradación o por represión traduccional.

Riechmann y col., (Science 290: 2105–2109, 2000) informan sobre 16 polipéptidos de factores de transcripción de SPL en *Arabidopsis thaliana*, con escasa similitud de secuencia entre ellos (excepto las características mencionadas anteriormente), variando el tamaño del polipéptido SPL deducido de 131 a 927 aminoácidos. No obstante, se detectaron pares de polipéptidos de factores de transcripción de SPL que comparten mayor homología de secuencia dentro de la familia de SPL de esta planta (Cardon *y col.,* (1999)).

Se ha mostrado que los polipéptidos de factores de transcripción de SPL (solamente encontrados en plantas) caracterizados hasta ahora funcionan en el desarrollo de las plantas, en particular en el desarrollo de las flores. Se ha indicado que las plantas transgénicas que sobreexpresan un polipéptido del factor de transcripción de SPL3 florecían antes (Cardon y col., (1997) Plant J 12: 367–377).

En la solicitud de patente Europea EP1033405, se presentan las secuencias polipeptídicas deducidas y de ácidos nucleicos del polipéptido del factor de transcripción de SPL15.

En la solicitud de patente internacional WO03013227 se presenta una secuencia de ácido nucleico (y la secuencia polipeptídica deducida; referencia interna G2346) que codifica parte del polipéptido del factor de transcripción SPL15 aunque 38 aminoácidos desde el extremo C-terminal del factor de transcripción SL15. Las plantas transgénicas de *Arabidopsis fhaliana* que sobreexpresan de forma constitutiva el polipéptido del factor de transcripción SPL15 (o G2346) tienen cotiledones de un tamaño ligeramente mayor. En estadios posteriores del desarrollo, se ha indicado que las mismas plantas no muestran diferencias consistentes con respecto a las plantas control.

Sumario de la invención

Sorprendentemente, ahora se ha comprobado que el aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15 como se define en el presente documento produce plantas que tienen un mayor rendimiento en cuanto a las semillas y/o la biomasa aérea con respecto a las plantas control.

De acuerdo con una realización adicional, la invención proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de las semillas y/o la biomasa aérea en plantas con respecto a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 como se define en el presente documento.

Definiciones

Polipéptido(s)/Proteína(s)

Los términos "polipéptido" y "proteína" se usan indistintamente en el presente documento, y se refieren a aminoácidos en forma polimérica de cualquier longitud.

Polinucleótido(s) /ácido(s) nucleico(s) /secuencia(s) de ácido nucleico/secuencia(s) de nucleótidos
Las expresiones “polinucleótido(s)”, “secuencia(s) de ácidos nucleicos”, “secuencia(s) de nucleótidos”, “ácido(s) nucleico(s)”, se usan en el presente documento de forma intercambiable y hacen referencia a nucleótidos, ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos, o a una combinación de ambos, en una forma polimérica de cualquier longitud.

Planta(s) control
La elección de plantas control adecuadas es una parte rutinaria de una situación experimental y puede incluir las correspondientes plantas de tipo silvestre o las correspondientes plantas sin el gen de interés. La planta de control es típicamente de la misma especie de planta o incluso de la misma variedad que la planta que se va a evaluar. La planta de control también puede ser un nulicigoto de la planta que se va a evaluar. Una “planta de control” como se usa en el presente documento no solo se refiere a plantas completas, sino también a partes de las plantas, que incluyen semillas y partes de semilla

Homólogo(s)
Los “homólogos” de una proteína incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos con relación a la proteína no modificada en cuestión y que tienen actividad biológica y funcional similar a la de la proteína no modificada de la cual derivan.

Una deleción se refiere a la eliminación de uno o más aminoácidos de una proteína.

Una inserción se refiere a uno o más restos de aminoácido que se introducen en un sitio predeterminado en una proteína. Las inserciones pueden comprender fusiones en N-terminal y / o en C-terminal, así como inserciones dentro de la secuencia de aminoácidos individuales o múltiples. Generalmente, las inserciones dentro de la secuencia de aminoácidos serán más pequeñas que las fusiones en N- o C-terminal, del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos. Ejemplos de proteínas o péptidos de fusión en N- o C-terminal incluyen el dominio de activación o dominio de unión de un activador de la transcripción como se utiliza en el sistema en levadura de dos híbridos, las proteínas de recubrimiento de fago, cola de 6 (histidinas), marcador de glutatión S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, epítopo Tag•100, epítopo de c-myc, epítopo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítopo HA, epítopo de proteína C y epítopo VSV.

Una sustitución se refiere a un reemplazo de aminoácidos de la proteína por otros aminoácidos que tienen propiedades similares (tales como hidrofobicidad, hidrofilicidad, antigenicidad, propensión a formar o romper estructuras en α hélice o estructuras en lámina β similares). Las sustituciones de aminoácidos son típicamente de residuos individuales, pero pueden agruparse dependiendo de restricciones funcionales sobre el polipéptido; las inserciones normalmente serán del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos de aminoácidos. Preferentemente, las sustituciones de aminoácidos comprenden sustituciones de aminoácidos conservadoras. En la técnica se conocen bien las tablas de sustituciones conservadoras (véase, por ejemplo, Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman y Company y la Tabla 1 dada a continuación).

Tabla 1: Ejemplos de sustituciones de aminoácidos conservados

Resto	Sustituciones conservadoras	Resto	Sustituciones conservadoras
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu, Val		

Las sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos pueden fabricarse fácilmente utilizando técnicas de síntesis de péptidos bien conocidas en la materia, tales como la síntesis de péptidos en fase sólida y similares, o o por manipulación de ADN recombinante. En la técnica se conocen bien los procedimientos para la manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o deleción de una proteína. Por ejemplo, técnicas para realizar mutaciones de sustitución en sitios predeterminados en el ADN son bien conocidas para los expertos en la técnica e incluyen mutagénesis M13, mutagénesis *in vitro* T7-Gen (USB, Cleveland, OH), mutagénesis dirigida a sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagénesis dirigida a sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagénesis dirigida a sitio.

Derivados

"Derivados" incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que pueden, en comparación con la secuencia de aminoácidos de la forma natural de la proteína, tal como la proteína de interés, comprender sustituciones de aminoácidos con restos de aminoácido de origen no natural o adiciones de restos de aminoácido de origen no natural. Los "derivados" de una proteína también incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que comprenden restos de aminoácido modificados de origen natural (glucosilados, acilados, preniladso, fosforilados, miristoilados, sulfatados, etc.) o modificados no origen no natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de forma no natural del polipéptido. Un derivado también puede comprender uno o más sustituyentes o adiciones no aminoacídicas en comparación con la secuencia de aminoácidos de la que deriva, por ejemplo, una molécula indicadora u otro ligando, unido covalente o no covalentemente a la secuencia de aminoácidos, tal como una molécula indicadora que se une para facilitar su detección, y restos de aminoácido que no son de origen natural con respecto a la secuencia de aminoácidos de una proteína de origen natural.

Ortólogo(s) /Parálogo(s)

Los ortólogos y parálogos incluyen conceptos evolutivos usados para describir las relaciones antecesoras de los genes. Los parálogos son genes dentro de la misma especie que se han originado a través de la duplicación de un gen antecesor y los ortólogos son genes de diferentes organismos que se han originado a través de especiación.

Dominio

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

Motivo/Secuencia consenso/Firma

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

Hibridación

El término "hibridación" como se define en el presente documento es un procedimiento en el que las secuencias de nucleótidos complementarias sustancialmente homólogas hibridan entre sí. El procedimiento de hibridación puede producirse completamente en la solución, es decir, ambos ácidos nucleicos complementarios están en la solución. El procedimiento de hibridación también puede producirse con uno de los ácidos nucleicos complementarias inmovilizada en una matriz tal como perlas magnéticas, perlas de Sefarosa o cualquier otra resina. El procedimiento de hibridación puede producirse adicionalmente con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizada en un soporte sólido, tal como una membrana de nitrocelulosa o de nailon, o inmovilizada mediante, por ejemplo, fotolitografía a, por ejemplo, un soporte vítreo silíceo (el último conocido como matrices o micromatrices de ácido nucleico o como microplacas de ácido nucleico). Con el fin de permitir que se produzca la hibridación, las moléculas de ácido nucleico de manera general se desnaturalizan térmica o químicamente para fundir una doble cadena en dos cadenas únicas y/o para retirar horquillas u otras estructuras secundarias de ácidos nucleicos de cadena sencilla.

El término "rigurosidad" se refiere a las condiciones bajo las cuales se produce la hibridación. La rigurosidad de la hibridación está influenciada por condiciones tales como temperatura, concentración de sales, fuerza iónica y composición del tampón de hibridación. Generalmente, se seleccionan condiciones de baja rigurosidad de aproximadamente 30 °C menor que el punto de fusión térmico (T_m) para la secuencia específica a una fuerza iónica y pH definidos. Las condiciones de rigurosidad media son cuando la temperatura es 20 °C menor que la T_m, y las

condiciones de alta rigurosidad son cuando la temperatura es 10 °C menor que la T_m. Las condiciones hibridación de rigurosidad alta se usan típicamente para aislar las secuencias de hibridación que tienen alta similitud de secuencia con la secuencia de ácido nucleico diana. Sin embargo, los ácidos nucleicos pueden desviarse en cuanto a la secuencia y aún codificar un polipéptido sustancialmente idéntico, debido a la degeneración del código genético. Por lo tanto, algunas veces pueden necesitarse condiciones de hibridación de rigurosidad media para identificar dichas moléculas de ácido nucleico.

La T_m es la temperatura a la fuerza iónica y el pH definidos, a la cual el 50 % de una secuencia diana hibrida con una sonda perfectamente apareada. La T_m depende de las condiciones de solución y de la composición base y la longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias más largas hibridan específicamente a temperaturas más altas. El índice máximo de hibridación se obtiene de aproximadamente 16 ºC hasta 32 ºC por debajo de la T_m. La presencia de cationes monovalentes en la solución de hibridación reduce la repulsión electrostática entre las dos cadenas de ácido nucleico que promueven, por lo tanto, la formación del híbrido; este efecto es visible para concentraciones de sodio de hasta 0,4 M (para concentraciones más elevadas, este efecto puede ignorarse). La formamida reduce la temperatura de fusión de los dúplex ADN-ADN y ADN-ARN con 0,6 a 0,7 ºC para cada porcentaje de formamida y la adición de formamida al 50 % permite que se realice la hibridación a de 30 a 45 ºC, aunque se disminuirá el índice de hibridación. Los emparejamientos erróneos de los pares de bases reducen el índice de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. De media y para sondas grandes, la T_m disminuye aproximadamente 1 ºC por % de emparejamiento erróneo de bases. La T_m puede calcularse utilizando las siguientes ecuaciones, dependiendo de los tipos de híbridos:

1) Híbridos de ADN-ADN (Meinkoth y Wahl, Anal. Biochem., 138: 267–284, 1984): $T_m = 81{,}5\ °C + 16{,}6 \times \log_{10}[Na^+]^a + 0{,}41 \times \%\ [G/C^b] - 500 \times [L^c]^{-1} - 0{,}61 \times \%$ de formamida

2) Híbridos de ADN-ARN o ARN-ARN: $T_m = 79{,}8 + 18{,}5\ (\log_{10}[Na^+]^a) + 0{,}58\ (\%\ G/C^b) + 11{,}8\ (\%\ G/C^b)^2 - 820/L^c$

3) Híbridos de oligo-ADN u oligo ARN[d]:

Para <20 nucleótidos: $T_m = 2\ (I_n)$

Para 20-35 nucleótidos: $T_m = 22 + 1{,}46\ (I_n)$

[a] o para otro catión monovalente, pero solo exacto en el intervalo 0,01–0,4 M.

[b] solo es exacto para % GC en el intervalo de 30 % a 75 %.

[c] L = longitud de dúplex en pares de bases.

[d] oligo, oligonucleótido; I_n = longitud eficaz del cebador = 2% (nº de G/C) + (nº de A/T).

La unión inespecífica puede controlarse usando uno cualquiera de un número de técnicas conocidas tal como, por ejemplo, bloqueo de la membrana con soluciones que contienen proteína, adiciones de ARN, ADN y SDS heterólogos al tampón de hibridación y tratamiento con Rnasa. Para sondas no homólogas, puede realizarse una serie de hibridaciones al variar uno de (i) disminuir progresivamente la temperatura de hibridación (por ejemplo, de 68 ºC a 42 ºC) o (ii) disminuir progresivamente la concentración de formamida (por ejemplo, de 50 % al 0 %). El experto en la materia conoce los diversos parámetros que pueden alterarse durante la hibridación y que, o bien mantener o cambiar las condiciones de rigurosidad.

Además de las condiciones de hibridación, la especificidad de la hibridación también depende típicamente de la función de lavados posthibridación. Para retirar el fondo resultante de la hibridación inespecífica, las muestras se lavan con soluciones salinas diluidas. Los factores críticos de dichos lavados incluyen la fuerza iónica y la temperatura de la solución de lavado final: cuanto menor es la concentración de sal y mayor es la temperatura de lavado, mayor es la rigurosidad del lavado. Las condiciones de lavado se realizan típicamente a o por debajo de la rigurosidad de hibridación. Una hibridación positiva proporciona una señal que es al menos dos veces la del fondo. Generalmente, las condiciones de rigurosidad adecuadas para los ensayos de hibridación de ácido nucleico o los procedimientos de detección de amplificación de genes son como se han establecido anteriormente. También pueden seleccionarse condiciones más o menos rigurosas. El experto en la materia conoce los diversos parámetros que pueden alterarse durante el lavado y que, o bien mantener o cambiar las condiciones de rigurosidad.

Por ejemplo, las condiciones de hibridación de alta rigurosidad típicas para híbridos de ADN mayores de 50 nucleótidos incluyen hibridación a 65 ºC en 1 x SSC o a 42 ºC en 1 x SSC y formamida al 50 %, seguido de lavado a 65 ºC en 0,3 x SSC. Ejemplos de de condiciones de hibridación de rigurosidad media para híbridos de ADN mayores de 50 nucleótidos incluyen hibridación a 50 ºC en 4 x SSC o a 40 ºC en 6 x SSC y formamida al 50 %, seguido de lavado a 50 ºC en 2 x SSC. La longitud del híbrido es la longitud prevista para la hibridación del ácido nucleico. Cuando los ácidos nucleicos de secuencia conocida se hibridan, la longitud del híbrido puede determinarse alineando las secuencias e identificando las regiones conservadas descritas en el presente documento. 1 x SSC es NaCl 0,15M y citrato sódico 15 mM; la solución de hibridación y las soluciones de lavado pueden incluir adicionalmente 5x reactivo de Denhard, SDS al 0,5-1,0 %, 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado

desnaturalizado, pirofosfato sódico al 0,5 %.

Con objeto de definir el nivel de rigurosidad, se puede hacer referencia a Sambrook y col., (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York o a Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989 y las actualizaciones anuales).

Variante de corte y empalme

La expresión "variante de corte y empalme" como se usa en el presente documento incluye variantes de una secuencia de ácido nucleico en la que los intrones y/o exones seleccionados se han escindido, reemplazado, desplazado o añadido, o en la que los intrones se han acortado o alargado. Dichas variantes serán unas en las que la actividad biológica de la proteína se conserva sustancialmente; esto puede conseguirse conservando selectivamente los segmentos funcionales de la proteína. Dichas variantes de corte y empalme pueden encontrarse en la naturaleza o pueden ser fabricadas por el hombre. Los procedimientos para predecir y aislar dichas variantes de corte y empalme son bien conocidos en la técnica (véase por ejemplo, Foissac y Schiex, BMC Bioinformatics. 2005; 6: 25).

Variante alélica

Los alelos o variantes alélicas son formas alternativas de un gen determinado, localizado en la misma posición cromosómica. Las variantes alélicas incluyen Polimorfismos de nucleótidos sencillos (SNP), así como Polimorfismos de Inserción/Deleción pequeños (INDEL). El tamaño de los INDEL es normalmente menor de 100 pb. Los SNP y los INDEL forman el grupo de variantes de secuencia más grande en las cepas polimórficas de origen natural de la mayoría de los organismos.

´Redistribución de genes/Evolución dirigida

La redistribución de genes o evolución dirigida consiste en iteraciones de redistribución de ADN, seguidas de detección y/o selección apropiada para generar variantes de ácidos nucleicos o partes de las mismas que codifican proteínas que tienen una actividad biológica modificada (Castle y col., (2004) Science 304(5674): 1151–4; patentes de Estados Unidos Nº 5.811.238 ay 6.395.547).

Elemento regulador/Secuencia control/Promotor

Las expresiones "elemento regulador", "secuencia de control" y "promotor" se usan de forma intercambiable en el presente documento y se han tomado en un contexto amplio para hacer referencia a secuencias de ácido nucleico capaces de efectuar la expresión de las secuencias a las que están unidas. El término "promotor" típicamente se refiere a una secuencia de ácido nucleico control localizada en dirección 5' del inicio transcripcional de un gen y que está implicada en el reconocimiento y unión de la ARN polimerasa y otras proteínas, dirigiendo de este modo la transcripción de un ácido nucleico unido operativamente. Incluidas en los términos mencionados anteriormente se encuentran las secuencias reguladoras de la transcripción derivadas de un gen genómico eucariota clásico (que incluye la caja TATA que es necesaria para el inicio adecuado de la transcripción, con o sin una secuencia de caja CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir, secuencias activadoras en dirección 5', potenciadores y silenciadores) que alteran la expresión génica en respuesta a estímulos del desarrollo y/o externos, o en una forma específica de tejido. También se incluye dentro del término una secuencia reguladora de la transcripción de un gen procariota clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladoras transcripcionales de caja -10. La expresión "elemento regulador" también incluye una molécula de fusión sintética o un derivado que confiere, activa o potencia la expresión de una molécula de secuencia ácido nucleico en una célula, tejido u órgano.

Un "promotor vegetal" comprende elementos reguladores, que median en la expresión de un segmento de secuencia de codificación en células vegetales. Por consiguiente, un promotor vegetal no tiene que ser de origen vegetal, pero puede originarse a partir de virus o microorganismos, por ejemplo de virus que atacan a células vegetales. El "promotor vegetal" también puede originarse de una célula vegetal por ejemplo, de la planta que se transforma con la secuencia de ácido nucleico que se va a expresar en el procedimiento de la invención y que se describe en el presente documento. Esto también se aplica a las otras señales reguladoras "vegetales", tales como terminadores "vegetales". Los promotores en la dirección 5' de las secuencias de nucleótidos útiles en los procedimientos de la presente invención pueden modificarse mediante una o más sustituciones, inserciones y/o deleciones de nucleótidos sin interferir en la funcionalidad o actividad de cualquiera de promotores, marco de lectura abierta (ORF) o región reguladora en 3', tales como terminadores u otras regiones reguladoras en 3' que se localizan lejos del ORF. Además es posible que la actividad de los promotores aumente mediante la modificación de su secuencia o que se reemplacen completamente por más promotores activos, incluso promotores de organismos heterólogos. Para la expresión en plantas, la molécula de ácido nucleico debe, como se ha descrito anteriormente, estar unida operativamente a o comprender un promotor adecuado que exprese el gen de manera adecuada en el tiempo y con el patrón de expresión espacial requerido.

Para la identificación de promotores funcionalmente equivalentes, la fuerza del promotor y/o el patrón de expresión de un promotor candidato pueden analizarse, por ejemplo, uniendo operativamente el promotor a un gen indicador y

evaluando el nivel de expresión y el patrón del gen indicador en diversos tejidos de la planta. Los genes indicadores bien conocidos adecuados incluyen, por ejemplo, beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La actividad del promotor se evalúa midiendo la actividad enzimática de la beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La fuerza del promotor y/o el patrón de expresión pueden después compararse con los de un promotor de referencia (tal como el utilizado en los procedimientos de la presente invención). Como alternativa, la fuerza del promotor puede evaluarse cuantificando los niveles de ARNm o comparando los niveles de ARNm del ácido nucleico utilizado en el procedimientos de la presente invención, con niveles de ARNm de los genes constitutivos, tal como ARNr 18S, utilizando procedimientos conocidos en la técnica, tal como transferencia de tipo Northern con análisis densitométrico de autorradiografías, PCR cuantitativa en tiempo real o RT-PCR (Heid y col., 1996 Genome Methods 6: 986–994). En general, con “promotor débil” se quiere decir un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificadora a un nivel bajo. Por “nivel bajo” se quiere decir niveles de aproximadamente 1/10.000 transcritos a aproximadamente 1/100.000 transcritos a aproximadamente 1/500.0000 transcritos. Por el contrario, un “promotor fuerte” dirige la expresión de una secuencia de codificación a alto nivel, o aproximadamente 1/10 transcritos a aproximadamente 1/100 transcritos a aproximadamente 1/1.000 transcritos por célula.

Unido operativamente

La expresión “unido operablemente” como se usa en el presente documento se refiere a un enlace funcional entre la secuencia promotora y el gen de interés, de tal manera que la secuencia promotora es capaz de iniciar la transcripción del gen de interés.

Promotor constitutivo

Un “promotor constitutivo” se refiere a un promotor que es transcripcionalmente activo durante la mayor parte, pero no necesariamente todas, de las fases de crecimiento y desarrollo y en condiciones más ambientales, en al menos una célula, tejido u órgano. La Tabla 2 siguiente proporciona ejemplos de promotores constitutivos.

Tabla 2: Ejemplos de promotores constitutivos

Fuente del gen	Referencia
Actina	McElroy et al, Plant Cell, 2: 163–171, 1990
HMGB	Documento WO 2004/070039
CAMV 35S	Odell et al, Nature, 313: 810–812, 1985
CaMV 19S	Nilsson y col., Physiol. Plant. 100:456–462, 1997
GOS2	de Pater et al, Plant J Nov;2(6):837–44, 1992, WO 2004/065596
Ubiquitina	Christensen et al, Plant Mol. Biol. 18: 675–689, 1992
Ciclofilina del arroz	Buchholz et al, Plant Mol Biol. 25(5): 837–43, 1994
Histona H3 del maíz	Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231:276–285, 1992
Histona H3 de alfalfa	Wu y col., Plant Mol. Biol. 11:641–649, 1988
Actina 2	An et al, Plant J. 10(1); 107–121, 1996
34S FMV	Sanger y col., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433–443
Subunidad pequeña Rubisco	Documento US 4.962.028
OCS	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
SAD2	Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
nos	Shaw y col., (1984) Nucleic Acids Res. 12(20):7831–7846
V-ATPasa	Documento WO 01/14572
Súper promotor	Documento WO 95/14098
Proteínas de caja G	Documento WO 94/12015

Promotor ubicuo

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

Promotor regulado evolutivamente

Un promotor regulador evolutivamente es activo durante ciertas etapas deL desarrollo o en partes de la planta que experimentan cambios evolutivos.

Promotor inducible

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

Promotor específico de órgano/específico de tejido

Un promotor específico de órgano o específico de tejido es uno que puede iniciar preferentemente la transcripción en determinados órganos o tejidos, tales como hojas, raíces, tejido de semilla, etc. Por ejemplo, un "promotor específico de raíz" es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en las raíces de las plantas, sustancialmente con la exclusión de cualquier otra parte de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión parcial en estas otras partes de la planta. En el presente documento a los promotores que pueden iniciar la transcripción solo en determinadas células se les denomina "específicos de célula".

Un promotor específico de tejido verde como se define en el presente documento es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en el tejido verde, sustancialmente con la exclusión de cualquiera otra parte de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión parcial en estas otras partes de la planta.

Ejemplos de promotores específicos de tejido verde que pueden utilizarse para realizar los procedimientos de la invención se muestran en la Tabla 3 a continuación.

Tabla 3: Ejemplos de promotores específicos de tejido verde

Gen	**Expresión**	**Referencia**
Ortofosfato diquinasa de maíz	Específica de hoja	Fukavama y col., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilasa de maíz	Específica de hoja	Kausch y col., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilasa de arroz	Específica de hoja	Liu y col., 2003
Subunidad pequeña de Rubisco de arroz	Específica de hoja	Nomura y col., 2000
Beta expanslna EXBP9 de arroz	Específica de brote	Documento WO 2004/070039
Subunldad pequeña de Rubisco de frijol de palo	Específica de hoja	Panguluri y col., 2005
RBCS3A de guisante	Específica de hoja	

Otro ejemplo de un promotor específico de tejido es un promotor específico de meristemo, que es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido meristemático, sustancialmente con la exclusión de cualquier otra parte de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión parcial en estas otras partes de la planta.

Terminador

El término "terminador" incluye una secuencia de control que es una secuencia de ADN en el extremo de una unidad de transcripción que señaliza el procesamiento y la poliadenilación en 3' de un transcrito primario y la terminación de la transcripción. El terminador puede derivar del gen natural, de una diversidad de otros genes de planta, o de ADN-T. El terminador a añadir puede derivar de, por ejemplo, los genes nopalina sintasa u octopina sintasa, o, como alternativa, de otro gen vegetal, o, menos preferentemente de cualquier otro gen eucariota

Modulación

El término “modulación” significa en relación a la expresión o expresión de gen, un procedimiento en el que el nivel de expresión se cambia mediante dicho gen de expresión en comparación con la planta control, preferentemente el nivel de expresión puede aumentarse. La expresión no modulada original puede ser de cualquier tipo de expresión de un ARN estructural (ARNr, ARNt) o ARNm con traducción posterior. La expresión “modulación de la actividad” significará cualquier cambio de la expresión de las secuencias de ácidos nucleicos de la invención o las proteínas codificadas, que conduce a un rendimiento aumentado y/o a un crecimiento aumentado de las plantas.

Expresión aumentada/sobreexpresión

El término “expresión aumentada” o “sobreexpresión” como se usa en el presente documento, significa cualquier forma de expresión que es adicional al nivel de expresión original de tipo silvestre.

Los procedimientos para aumentar la expresión de genes o productos génicos están bien documentados en la técnica e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión dirigida por promotores apropiados, el uso de potenciadores de la transcripción o potenciadores de traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como elementos promotores o potenciadores pueden introducirse en una posición adecuada (típicamente cadena arriba) de una forma no heteróloga de un polinucleótido para regular por aumento la expresión de un ácido nucleico que codifica el polipéptido de interés. Por ejemplo, los promotores endógenos pueden alterarse *in vivo* por mutación, deleción y/o sustitución (véase, Kmiec, patente de EE.UU. 5.565.350; Zarling y col., PCT/US93/03868), o pueden introducirse promotores aislados en una célula vegetal en la orientación y distancia apropiada de un gen de la presente invención de tal manera que se controle la expresión del gen.

Si se desea la expresión del polipéptido, generalmente es deseable incluir una región de poliadenilación en el extremo 3 'de una región codificante de polinucleótido. La región de poliadenilación puede derivar del gen natural, de una diversidad de otros genes de planta, o de ADN-T. La secuencia en el extremo 3’ a añadir puede derivar de, por ejemplo, los genes nopalina sintasa u octopina sintasa, o, como alternativa, de otro gen vegetal, o, menos preferentemente de cualquier otro gen eucariota

También puede añadirse una secuencia intrónica a la región no traducida en 5’ (UTR) o la secuencia codificante de la secuencia de codificación parcial para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol. Se ha observado que la inclusión de un intrón de corte y empalme en la unidad de transcripción en construcciones de expresión tanto de plantas como de animales aumenta la expresión génica tanto a nivel de proteína como de ARNm hasta 1.000 veces (Buchman y Berg (1988) Mol. Cell biol. 8: 4395 – 4405; Callis y col., (1987) Genes Dev 1:1183–1200). Dicha potenciación intrónica de la expresión génica es típicamente mayor cuando se pone cerca del extremo 5’ de la unidad de transcripción. En la técnica se conoce el uso de los intrones de maíz, el intrón Adh1-S, 1, 2 y 6, el intrón Bronze-1. Para una información general véase: The Maize Handbook, Capítulo 116, Freeling y Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

Gen endógeno

En el presente documento la referencia a un “gen endógeno”, no solo se refiere al gen en cuestión como se encuentra en una planta en su forma natural (es decir, sin existir ninguna intervención humana), sino también se refiere a aquel mismo gen (o un ácido nucleico/gen sustancialmente homólogo) en una forma aislada posteriormente (re)introducida en una planta (un transgén). Por ejemplo, una planta transgénica que contiene dicho transgén puede encontrar una reducción sustancial de la expresión transgénica y/o reducción sustancial de la expresión del gen endógeno.

Expresión disminuida

En el presente documento, se toma que la referencia a “reducción o eliminación sustancial” significa una disminución en la expresión del gen endógeno y/o los niveles de polipéptido y/o actividad de polipéptido con respecto a las plantas control. La reducción o eliminación sustancial está en orden creciente de preferencia al menos 10 %, 20 %, 30 %, 40 % o 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, o 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más reducido en comparación con el de las plantas control.

Para la reducción o eliminación sustancial de la expresión de un gen endógeno en una planta, se requiere una longitud suficiente de nucleótidos sustancialmente contiguos de una secuencia de ácidos nucleicos. Para realizar el silenciamiento génico, éste puede ser tan pequeño como 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10 o menos nucleótidos, como alternativa éste puede ser tanto como el gen completo (incluyendo la UTR 5' y/o 3' ya sea en parte o en su totalidad). El tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos puede proceder del ácido nucleico que codifica la proteína de interés (gen diana), o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo y homólogo de la proteína de interés. Preferentemente, el tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos es capaz de formar enlaces de hidrógeno con el gen diana (cadena en sentido o antisentido), más preferentemente, el tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 100 % con el gen diana (cadena en sentido o antisentido). Una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido (funcional) no es un requisito para los diversos procedimientos analizados en el presente documento para la reducción o eliminación

sustancial de la expresión de gen endógeno.

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

En dicho procedimiento preferido, la expresión del gen endógeno se reduce o elimina sustancialmente a través de silenciamiento mediado por ARN usando una repetición invertida de un ácido nucleico o una parte del mismo (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo u homólogo de la proteína de interés), preferentemente capaz de formar una estructura en horquilla. La repetición invertida se clona en un vector de expresión que comprende secuencias control. Una secuencia de ácido nucleico de ADN no codificante (un espaciador, por ejemplo un fragmento de la región de unión de matriz (MAR), un intrón, un polienlazador etc.) se localiza entre los dos ácidos nucleicos invertidos que forman la repetición invertida. Después de la transcripción de la repetición invertida, se forma un ARN quimérico con una estructura autocomplementaria (parcial o completa). Esta estructura de ARN bicatenario se denomina ARN en horquilla (ARNhp). El ARNhp se procesa en la planta en los ARNip que se incorporan en un complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC). El RISC escinde adicionalmente los transcritos de ARNm, reduciendo por lo tanto sustancialmente el número de transcriptos de ARNm que van a traducirse en los polipéptidos. Para detalles generales adicionales véase, por ejemplo, Grierson y col. (1998) documento WO 98/53083; Waterhouse y col., (1999) documento WO 99/53050).

La realización de los procedimientos de la Invención no se basa en introducir y expresar en una planta una construcción genética en la que se clona el ácido nucleico como una repetición invertida, sino que pueden utilizarse cualquiera de uno o más de los diversos procedimientos de “silenciamiento” génico bien conocidos para conseguir los mismos efectos.

Un procedimiento de este tipo para la reducción de la expresión del gen endógeno es el silenciamiento mediado por ARN de la expresión génica (regulación negativa). En este caso, el silenciamiento se activa en una planta mediante una secuencia de ARN bicatenario (ARNbc) que es sustancialmente similar al gen endógeno diana. Este ARNbc se procesa adicionalmente en la planta en aproximadamente 20 a aproximadamente 26 nucleótidos denominado ARN de interferencia pequeño (ARNip). Los ARNip se incorporan en un complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC) que escinde el transcrito de ARNm del gen endógeno diana, reduciendo por tanto sustancialmente el número de transcritos de ARNm que se traducen en un polipéptido. Preferentemente, la secuencia de ARN bicatenario corresponde a un gen diana.
Otro ejemplo de un procedimiento de silenciamiento de ARN implica la introducción de secuencias de ácidos nucleicos o partes de las mismas (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo u homólogo de la proteína de interés) en una orientación en sentido en una planta. "Orientación en sentido” se refiere a una secuencia de ADN que es homologa a un trascrito de ARNm de la misma. Por lo tanto, en una planta se introduciría al menos una copia de la secuencia de ácido nucleico. La secuencia de ácido nucleico adicional reducirá la expresión del gen endógeno, dando lugar a un fenómeno conocido como cosupresión. La reducción de la expresión del gen sería más pronunciada si en una planta se introdujesen varias copias adicionales de una secuencia de ácido nucleico, cuando hay una correlación positiva entre altos niveles de trascrito y la activación de cosupresión.

Otro ejemplo de un procedimiento de silenciamiento de ARN implica el uso de secuencias de ácido nucleico antisentido. Una secuencia de ácido nucleico “antisentido” comprende una secuencia de nucleótidos que es complementaria a una secuencia de ácido nucleico “sentido” que codifica una proteína, es decir complementaria a la cadena que codifica una molécula de ADNc bicatenario o complementario a una secuencia de transcrito de ARNm. La secuencia de ácidos nucleicos antisentido es, preferentemente, complementaria a gen endógeno a silenciar. La complementariedad puede localizarse en la “región de codificación” y/o en la “región no codificante” de un gen. La expresión “región de codificación” se refiere a una región de la secuencia de nucleótidos que comprende codones que se traducen en restos de aminoácidos. La expresión “región no codificante” se refiere a las secuencias 5' y 3' que flanquean la región de codificación que se transcriben pero no se traducen en aminoácidos (también denominadas regiones no traducidas 5' y 3').

Las secuencias de ácido nucleico antisentido pueden diseñarse de acuerdo con las normas de emparejamiento de bases de Watson y Crick. La secuencia de ácido nucleico antisentido puede ser complementaria a la secuencia de ácido nucleico completa (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo u homólogo de la proteína de interés), pero también puede ser un oligonucleótido que sea antisentido para solo una parte de la secuencia de ácido nucleico (incluyendo las UTR 5' y 3' del ARNm). Por ejemplo, la secuencia de oligonucleótidos antisentido puede ser complementaria a la región que rodea el sitio de inicio de la traducción de un transcrito de ARNm que codifica un polipéptido. La longitud de una secuencia de oligonucleótidos antisentido adecuada se conoce en la técnica y puede comenzar desde aproximadamente 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20, 15 o 10 nucleótidos de longitud o menos. Una

secuencia de ácido nucleico antisentido de acuerdo con la Invención puede construirse usando síntesis química y reacciones de ligamiento enzimático usando procedimientos conocidos en la técnica. Por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico antisentido (por ejemplo, una secuencia de oligonucleótidos antisentido) puede sintetizarse químicamente usando nucleótidos de origen natural o varios nucleótidos modificados diseñados para aumentar la estabilidad biológica de las moléculas o para aumentar la estabilidad física del dúplex formado entre las secuencias de ácidos nucleicos antisentido y sentido, por ejemplo, pueden usarse derivados de fosforotioato y nucleótidos sustituidos por acridina. En la técnica se conocen bien ejemplos de nucleótidos modificados que pueden usarse para generar las secuencias de ácidos nucleicos antisentido. Las modificaciones de nucleótidos conocidas incluyen metilación, ciclación y 'protecciones y sustitución de uno o más de los nucleótidos de origen natural con un análogo tal como inosina. En la técnica se conocen bien otras modificaciones de nucleótidos.

La secuencia de ácido nucleico antisentido puede producirse biológicamente usando un vector de expresión en el que se ha subclonado una secuencia de ácido nucleico en una orientación antisentido (es decir, el ARN transcrito del ácido nucleico insertado tendrá una orientación antisentido con respecto a un ácido nucleico diana de interés). Preferentemente, la producción de las secuencias de ácido nucleico antisentido en plantas se produce mediante una construcción de ácido nucleico establemente integrada que comprende un promotor, un oligonucleótido antisentido unido operativamente y un terminador.

Las moléculas de ácido nucleico usadas para el silenciamiento en los procedimientos de la invención (tanto si se introducen en una planta como si se generan *in situ*) se hibridan con, o se unen a, los transcritos de ARNm y/o ADN genómico que codifica un polipéptido para inhibir así la expresión de la proteína, por ejemplo, mediante la inhibición de la transcripción y/o la traducción. La hibridación puede ser mediante complementariedad de nucleótidos convencional para formar un dúplex estable o, por ejemplo, en el caso de una secuencia de ácido nucleico antisentido que se une a los dúplex de ADN, a través de interacciones específicas en el surco principal de la hélice doble. Las secuencias de ácido nucleico antisentido pueden introducirse en una planta mediante transformación o inyección directa en un sitio de tejido específico. Como alternativa, las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden modificarse para llegar a las células seleccionadas y después administrarse por vía sistémica. Por ejemplo, para la administración sistémica, las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden modificarse de tal manera que se unan específicamente a receptores o a antígenos expresados en una superficie de la célula seleccionada, por ejemplo, ligando la secuencia de ácido nucleico antisentido a los péptidos o anticuerpos que se unen a los receptores o antígenos de la superficie celular. Las secuencias de ácidos nucleicos antisentido también pueden administrarse a las células usando los vectores descritos en el presente documento.

De acuerdo con un aspecto adicional, la secuencia de ácido nucleico antisentido es una secuencia de ácido nucleico a-anomérica. Una secuencia de ácido nucleico a-anomérica forma híbridos bicatenarios específicos con el ARN complementario en el que, al contrario que las unidades b habituales, las cadenas corren paralelas entre sí (Gaultier y col., (1987) Nucl Ac Res 15: 6625–6641). La secuencia de ácido nucleico antisentido también pueden comprender un 2'-o-metilrribonucleótido (Inoue y col., (1987) Nucl Ac Res 15, 6131–6148) o un análogo de ARN-ADN quimérico (Inoue y col., (1987) FEBS Lett. 215, 327–330).

La reducción o eliminación sustancial de la expresión del gen endógeno también puede realizarse usando ribozimas. Las ribozimas son moléculas de ARN catalíticas con actividad de ribonucleasa que pueden escindir una secuencia de ácido nucleico monocatenaria, tal como ARNm, con la que tienen una región complementaria. Por tanto, las ribozimas (por ejemplo, las ribozimas de cabeza de martillo (descritas en Haselhoff y Gerlach (1988) Nature 334, 585-591) pueden usarse para escindir catalíticamente los transcritos de ARNm que codifican un polipéptido, lo que reduce sustancialmente el número de transcritos de ARNm que van a traducirse en un polipéptido. Puede diseñarse una ribozima que tenga especificidad por una secuencia de ácido nucleico (véase, por ejemplo: Cech y col., patente de Estados Unidos N° 4.987.071; y Cech y col., patente de Estados Unidos N° 5.116.742). Como alternativa, pueden usarse transcritos de ARNm correspondientes a una secuencia de ácido nucleico para seleccionar un ARN catalítico que tenga una actividad de ribonucleasa específica de un conjunto de moléculas de ARN (Bartel y Szostak (1993) Science 261, 1411–1418). El uso de ribozimas para el silenciamiento génico en plantas es conocido en la técnica (por ejemplo, Atkins y col., (1994) documento WO 94/00012; Lenne y col., (1995) documento WO 95/03404; Lutziger y col., (2000) documento WO 00/00619; Prinsen y col., (1997) WO 97/13865 y Scott y col., (1997) documento WO 97/38116).

El silenciamiento génico también puede producirse mediante mutagénesis de inserción (por ejemplo, inserción de ADN T o inserción de transposón) o mediante estrategias como las descritas, entre otros, por Angell y Baulcombe ((1999) Plant J 20(3): 357–62), (Amplicon VIGS documento WO 98/36083), o Baulcombe (documento WO 99/15682).

El silenciamiento génico también puede producirse si hay una mutación en un gen endógeno y/o una mutación en un gen aislado/ácido nucleico posteriormente introducido en una planta. La reducción de eliminación sustancial puede estar provocada por un polipéptido no funcional. Por ejemplo, un polipéptido puede unirse a diversas proteínas que interaccionan; por lo tanto, pueden proporcionarse una o más mutaciones y/o truncamientos para un polipéptido que sea aún capaz de unirse a las proteínas que interaccionan (tal como proteínas receptoras) pero que no pueden mostrar su función normal (tal como ligando de señalización).

Una estrategia adicional para silenciamiento génico es dirigir las secuencias de ácido nucleico complementarias a la región reguladora del gen (por ejemplo, el promotor y/o los potenciadores) para formar estructuras helicoidales triples que impiden la transcripción del gen en las células diana. Véase Helene, C., Anticancer Drug Res. 6, 569–84, 1991; Helene y col., Ann. N.Y. Acad. Sci. 660, 27–36 1992; y Maher, L.J. Bioassays 14, 807–15.1992.

Otros procedimientos, tales como el uso de anticuerpos dirigidos contra un polipéptido endógeno para inhibir su función en la planta, o la interferencia en la ruta de señalización en la que está implicada un polipéptido, serán muy conocidos por el experto. En particular, puede esperarse que las moléculas fabricadas por el hombre puedan ser útiles para inhibir la función biológica de un polipéptido diana o para interferir con la ruta de señalización en la que está implicada el polipéptido diana.

Como alternativa, puede establecerse un programa de detección selectiva para identificar en una población de plantas las variantes naturales de un gen, cuyas variantes codifican los polipéptidos con actividad reducida. Dichas variantes naturales también pueden usarse, por ejemplo, para realizar recombinación homologa.

Pueden usarse microARN (miARN) artificiales y/o naturales para desactivar la expresión génica y/o traducción del ARNm. Los miARN endógenos son ARN pequeños monocatenarios típicamente con una longitud de 19-24 nucleótidos. Actúan principalmente regulando la expresión génica y/o la traducción de ARNm. La mayoría de los microARN (miARN) vegetales tienen complementariedad perfecta o casi perfecta con sus secuencias diana. Sin embargo, hay dianas naturales con hasta cinco emparejamientos erróneos. Se procesan a partir de ARN no codificantes más largos con estructuras de plegamiento características mediante RNasas específicas bicatenarias de la familia Dicer. Después del procesamiento, se incorporan en el complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC) mediante la unión a su componente principal, una proteína Argonauta. Los miARN sirven como componentes de especificidad del RISC, debido a que se emparejan con las bases a los ácidos nucleicos diana, principalmente ARNm, en el citoplasma. Los acontecimientos reguladores posteriores incluyen la escisión del ARNm diana y la destrucción y/o inhibición de la traducción. Por tanto, los efectos de la sobreexpresión de miARN a menudo reflejan en niveles de ARNm disminuidos de los genes diana.

Los microARN artificiales (miARNa), que tienen típicamente 21 nucleótidos de longitud, pueden modificarse por ingeniería genética específicamente para regular negativamente la expresión génica de un solo gen o de múltiples genes de interés. En la técnica se conocen bien los determinantes de la selección diana de microARN vegetales. Se han definido los parámetros empíricos para el reconocimiento de dianas y pueden usarse para ayudar a diseñar los miARNa específicos, Schwab R, 2005. Las herramientas convenientes para el diseño y generación de los miARNa y sus precursores también están disponibles para el público, Schwab y col., 2006.

Para un rendimiento óptimo, las técnicas de silenciamiento génico usadas para reducir la expresión en una planta de un gen endógeno requieren el uso de secuencias de ácidos nucleicos de plantas monocotiledóneas para la transformación de plantas monocotiledóneas, y de plantas dicotiledóneas para la transformación de plantas dicotiledóneas. Preferentemente, una secuencia de ácido nucleico de cualquier especie de planta determinada se introduce dentro de esta misma especie. Por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico de arroz se transforma en una planta de arroz. Sin embargo, no es un requisito absoluto que la secuencia de ácido nucleico que se introduce se origine de la misma especie de planta que la planta en la que se introducirá. Basta con que haya una homología sustancial entre el gen diana endógeno y el ácido nucleico a introducir.

Anteriormente se han descrito ejemplos de diversos procedimientos para la reducción o eliminación sustancial de la expresión en una planta de un gen endógeno. Un experto en la técnica podrá adaptar fácilmente los procedimientos anteriormente mencionados para el silenciamiento para conseguir la reducción de la expresión de un gen endógeno en una planta completa o en partes de la misma usando un promotor apropiado, por ejemplo.

Marcador de selección (gen)/gen indicador

Un "marcador de selección", "gen marcador de selección" o "gen indicador" incluye cualquier gen que confiere un fenotipo sobre una célula en la que se expresa para facilitar la identificación y / o selección de células que son transfectadas o transformadas con una construcción de ácido nucleico de la invención. Estos genes marcadores permiten la identificación de una transferencia satisfactoria de las moléculas de ácido nucleico mediante una serie de principios diferentes. Los marcadores adecuados se pueden seleccionar de marcadores que confieren resistencia a antibióticos o a herbicidas, que introducen un nuevo rasgo metabólico o que permiten selección visual. Los ejemplos de genes marcadores de selección incluyen genes que confieren resistencia a antibióticos (tales como nptII que fosforila neomicina y kanamicina, o hpt, que fosforila higromicina, o genes que confieren resistencia a, por ejemplo, bleomicina, estreptomicina, tetraciclina, cloranfenicol, ampicilina, gentamicina, geneticina (G418), espectinomicina o blasticidina), a herbicidas (por ejemplo bar, que proporciona resistencia a Basta®; aroA o gox que proporciona resistencia contra glifosato, o los genes que confieren resistencia a, por ejemplo, imidazolinona, fosfinotricina o sulfonilurea), o genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como manA que permite a las plantas usar manosa como única fuente de carbono o xilosa isomerasa para la utilización de xilosa, o marcadores antinutritivos tales como la resistencia a 2-desoxiglucosa). La expresión de genes marcadores visuales tiene como resultado la formación de color (por ejemplo β-glucuronidasa, GUS o β-galactosidasa con sus sustratos de color, por ejemplo X Gal), luminiscencia (tal como el sistema luciferina/luciferasa) o fluorescencia (Proteína Fluorescente Verde, GFP y

derivados de los mismos). Esta lista solo representa una pequeña cantidad de marcadores posibles. El experto está familiarizado con dichos marcadores. Se prefieren diferentes marcadores dependiendo del organismo y del procedimiento de selección.

Se sabe que, después de la integración estable o transitoria de los ácidos nucleicos en células vegetales, solo una minoría de las células capta el ADN extraño y, si se desea, lo integra en su genoma, dependiendo del vector de expresión usado y de la técnica de transfección usada. Para identificar y seleccionar estos integrantes, normalmente se introduce un gen que codifica un marcador de selección (tal como los descritos anteriormente) en las células huésped junto con el gen de interés. Estos marcadores pueden usarse, por ejemplo, en mutantes en los que estos genes no son funcionales mediante, por ejemplo, deleción por procedimientos convencionales. Además, las moléculas de ácido nucleico que codifican un marcador de selección pueden introducirse en una célula huésped en el mismo vector que comprende la secuencia que codifica los polipéptidos de la invención o usarse en los procedimientos de la invención, o incluso en un vector distinto. Las células que se han transfectado de manera estable con el ácido nucleico introducido pueden identificarse, por ejemplo, mediante selección (por ejemplo, las células que tienen integrado el marcador de selección sobreviven mientras que las otras mueren).

Dado que los genes marcadores, particularmente los genes para resistencia a antibióticos y herbicidas, ya no se requieren o no se desean en la célula huésped transgénica una vez que se han introducido satisfactoriamente los ácidos nucleicos, el procedimiento de acuerdo con la invención para introducir los ácidos nucleicos emplea ventajosamente técnicas que permiten la retirada o escisión de estos genes marcadores. Un procedimiento de este tipo es el que se conoce como cotransformación. El procedimiento de cotransformación emplea dos vectores simultáneamente para la transformación, un vector que lleva el ácido nucleico de acuerdo con la invención y un segundo que lleva el gen (o genes) marcador. Una proporción grande de transformantes recibe o, en el caso de las plantas, comprende (hasta el 40 % o más de los transformantes), ambos vectores. En el caso de transformación con Agrobacteria, los transformantes normalmente solo reciben una parte del vector, es decir, la secuencia flanqueada por el ADN-T, que normalmente representa el casete de expresión. Posteriormente, los genes marcadores pueden eliminarse de la planta transformada realizando cruzamientos. En otro procedimiento, se usan genes marcadores integrados en un transposón para la transformación junto con el ácido nucleico deseado (conocido como tecnología Ac/Ds). Los transformantes pueden cruzarse con una fuente de transposasa o los transformantes se transforman con una construcción de ácido nucleico que confiere expresión de una transposasa, de manera transitoria o estable. En algunos casos (aproximadamente 10 %), el transposón salta del genoma de la célula huésped una vez que se ha producido la transformación satisfactoriamente y se pierde. En una serie de casos adicionales, el transposón salta a una localización diferente. En estos casos, el gen marcador debe eliminarse realizando cruzamientos. En microbiología, se desarrollaron técnicas que hacen posible, o facilitan, la detección de dichos acontecimientos. Un procedimiento ventajoso adicional se basa en lo que se conoce como sistemas de recombinación; cuya ventaja es que la eliminación puede dispensarse por cruzamiento. El sistema mejor conocido de este tipo es lo que se conoce como sistema Cre/lox. Cre1 es una recombinasa que elimina las secuencias localizadas entre las secuencias loxP. el gen marcador se integra entre las secuencias loxP, éste se elimina una vez se ha producido la transformación satisfactoriamente, mediante expresión de la recombinasa. Otros sistemas de recombinación son el sistema HIN/HIX, FLP/FRT y REP/STB (Tribble y col., J. Biol. Chem., 275, 2000: 22255–22267; Velmurugan y col., J. Cell Biol., 149, 2000: 553–566). De acuerdo con la invención, es posible una integración específica de sitio en el genoma de la planta de la secuencia de ácido nucleico. Naturalmente, estos procedimientos también pueden aplicarse a microorganismos tales como levaduras, hongos o bacterias.

Transgénico/Transgén/Recombinante

Para los fines de la invención, “transgénico”, “transgén” o “recombinante” significa con respecto a, por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico, un casete de expresión, una construcción génica o un vector que comprende la secuencia de ácido nucleico o un organismo transformado con las secuencias de ácido nucleico, casetes o vectores de expresión de acuerdo con la invención, todas estas construcciones realizadas por procedimientos recombinantes en los que

(a) las secuencias de ácido nucleico que codifican proteínas útiles en los procedimientos de la invención o

(b) la secuencia (o secuencias) de control genético que se une operativamente a la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la invención, por ejemplo un promotor, o

(c) a) y b)

no se localizan en su ambiente genético natural o se han modificado mediante procedimientos recombinantes, siendo posible que la modificación tome la forma de, por ejemplo, una sustitución, adición, deleción, inversión o inserción de uno o más restos de nucleótido. Se entiende que ambiente genético natural significa el locus genómico o cromosómico natural en la planta original o la presencia en una genoteca. En el caso de una genoteca, el ambiente genético natural de la secuencia de ácido nucleico se conserva preferentemente, al menos en parte. El ambiente flanquea la secuencia de ácido nucleico al menos en un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, preferentemente al menos 500 pb, en especial preferentemente al menos 1.000 pb, más preferentemente al menos 5.000 pb. Un casete de expresión de origen natural, por ejemplo la combinación de origen

natural del promotor natural de las secuencias de ácido nucleico con la secuencia de ácido nucleico correspondiente que codifica un polipéptido útil en los procedimientos de la presente invención, como se ha definido anteriormente, llega a ser un casete de expresión transgénica cuando este casete de expresión se modifica mediante procedimientos sintéticos no naturales ("artificiales") tal como, por ejemplo, tratamiento mutagénico. Se describen procedimientos adecuados, por ejemplo, en los documentos US 5.565.350 o WO 00/15815.

Por tanto, una planta transgénica, para los fines de la invención se entiende que significa, como se ha indicado anteriormente, que los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de la invención no están en su locus natural en el genoma de dicha planta, siendo posible que los ácidos nucleicos se expresen de manera homologa o heteróloga. Sin embargo, como se ha mencionado, transgénico también significa que, aunque los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención o usados en el procedimiento de la invención están en su posición natural en el genoma de una planta, la secuencia se ha modificado con respecto a la secuencia natural y/o que las secuencias reguladoras de las secuencias naturales se han modificado. Por transgénico se entiende, preferentemente, que significa la expresión de los ácidos nucleicos de acuerdo con la Invención en un locus no natural en el genoma, es decir, se produce la expresión homóloga o, preferentemente, heteróloga de los ácidos nucleicos. En el presente documento se mencionan las plantas transgénicas preferidas.

Transformación

El término "introducción" o "transformación" como se refiere en el presente documento abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno en una célula huésped, independientemente del procedimiento utilizado para la transferencia. El tejido vegetal capaz de la propagación clonal posterior, ya sea por organogénesis o embriogénesis, puede transformarse con una construcción genética de la presente Invención y una planta entera regenerada a partir del mismo. El tejido particular escogido variará dependiendo de los sistemas de propagación clonal disponibles para, y más adecuados para, las especies particulares que se están transformado. Ejemplos de tejidos objetivo incluyen discos de hojas, polen, embriones, cotiledones, hipocotilos, megagametofitos, tejido de callo, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristema apical, yemas axilares, y meristemos radiculares), y tejido meristemático inducido (por ejemplo, meristemo de cotiledón y meristemo del hipocotiledón). El polinucleótido puede introducirse transitoria o establemente en una célula huésped y puede mantenerse no integrado, por ejemplo, como un plásmido. Como alternativa, puede integrarse en el genoma huésped. La célula vegetal transformada resultante puede después utilizarse para regenerar una planta transformada de una manera conocida por los expertos en la técnica.

La transferencia de genes externos dentro del genoma de una planta se denomina transformación. La transformación de especies de plantas es actualmente una técnica bastante habitual. Ventajosamente, puede usarse cualquiera de los diversos procedimientos de transformación para introducir el gen de interés en una célula antecesora adecuada. Los procedimientos descritos para la transformación y regeneración de plantas de tejidos de plantas o células de plantas pueden utilizarse para la transformación transitoria o estable. Los procedimientos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, productos químicos que aumentan la captación de ADN libre, inyección del ADN directamente en la planta, pistola de bombardeo de partículas, transformación utilizando virus o polen y microproyección. Pueden seleccionarse procedimientos del procedimiento de calcio/polietilenglicol para protoplastos (Krens, F. A. y col., (1982) Nature 296, 72-74; Negrutiu I y col. (1987) Plant Mol Biol 8: 363 - -373); electroporación de protoplastos (Shillito R.D. y col., (1985) Bio/Technol 3, 1099 - -1102); microinyección en el material de planta (Crossway A y col., (1986) Mol. Gen Genet 202: 179–185); bombardeo de partículas recubiertas con ADN o ARN (Klein TM y col., (1987) Nature 327: 70) infección con virus (no integrantes) y similares. Las plantas transgénicas, incluyendo plantas de cultivo transgénicas, se producen preferentemente mediante transformación mediada por Agrobacteríum. Un procedimiento de transformación ventajoso es la transformación en la planta. Para esta finalidad, es posible, por ejemplo, permitir que la agrobacterias actúen en las semillas de la planta o inocular las agrobacterias en el meristemo de la planta. Se ha demostrado de un modo particularmente conveniente, de acuerdo con la invención, permitir que una suspensión de agrobacterias transformadas actúe en la planta intacta o al menos en los primordios florales. Posteriormente, la planta crece hasta que se obtienen las semillas de la planta tratada (Clough y Bent, Plant J. (1998) 16, 735-743). Los procedimientos para la transformación de arroz mediada por Agrobacteríum incluyen procedimientos bien conocidos para la transformación de arroz, tales como los descritos en cualquiera de las siguientes: la solicitud de Patente Europea EP 1198985 A1, Aldemita y Hodges (Planta 199: 612 - -617, 1996); Chan y col., (Plant Mol Biol 22 (3): 491–506, 1993), Hiei y col., (Plant J 6 (2): 271–282, 1994),), cuyas divulgaciones se incorporan por referencia en el presente documento en su totalidad. En el caso de la transformación de maíz, el procedimiento preferido es como se describe en Ishida y col., (Nat. Biotechnol 14(6): 745–50, 1996) o Frame y col., (Plant Physiol 129(1): 13 – 22, 2002), cuyas divulgaciones se incorporan por referencia en el presente documento en su totalidad. Dichos procedimientos se describen adicionalmente, a modo de ejemplo, en B. Jenes y col., Techniques for Gene Transfer, en: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung y R. Wu, Academic Press (1993) 128–143 y en Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205–225). Los ácidos nucleicos o la construcción a expresar se clona preferentemente en un vector que es adecuado para transformar Agrobacterium tumefaciens, por ejemplo, pBin19 (Bevan y col., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). Las agrobacterlas transformadas por dicho vector pueden después usarse de una manera conocida para la transformación de plantas, tales como plantas usadas como un modelo, como Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana* que se encuentra dentro del ámbito de la presente invención no se considera como una planta de cultivo) o plantas de cultivo tales como, a modo de ejemplo, plantas de tabaco, por

ejemplo, sumergiendo hojas laceradas o picadas en una solución agrobacteriana y después cultivarlas en un medio adecuado. La transformación de plantas mediante Agrobacterium tumefaciens la describen, por ejemplo, Höfgen y Willmitzer en Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 o se conoce, entre otros, de F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; en Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, pp. 15–38.

Además de la transformación de células somáticas, que después deben regenerarse en plantas intactas, también es posible transformar las células de meristemos de planta y, en particular, las células que se desarrollan en gametos. En este caso, los gametos transformados siguen el desarrollo natural de la planta, dando lugar a plantas transgénicas. Por tanto, por ejemplo, semillas de *Arabidopsis* se tratan con agrobacterias y se obtienen semillas del desarrollo de plantas de las que se transforma una determinada proporción y por tanto transgénicas [Feldman, KA and Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208:274–289; Feldmann K (1992). En: C Koncz, N–H Chua y J Shell, eds, Methods in Arabidopsis Research. Word Scientific, Singapore, pp. 274–289]. Los procedimientos alternativos se basan en la retirada repetida de las inflorescencias e incubación del sitio de escisión en el centro de la roseta con agrobacterias transformadas, por lo que las semillas transformadas pueden obtenerse de modo similar en un punto de tiempo final (Chang (1994). Plant J. 5: 551–558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363–370). Sin embargo, un procedimiento especialmente eficaz es el procedimiento de infiltración por vacío con sus modificaciones tal como el procedimiento de “inmersión floral”. En el caso de la infiltración por vacío de *Arabidopsis,* las plantas intactas bajo presión reducida se tratan con una suspensión agrobacteriana [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194–1199], mientras que en el caso del procedimiento de “inmersión floral”, el tejido floral en desarrollo se incuba brevemente con una suspensión agrobacteriana tratada con tensioactivo [Clough, SJ und Bent, AF (1998). The Plant J. 16, 735–743]. En ambos casos se recoge una determinada proporción de semillas transgénicas y estas semillas pueden diferenciarse de semillas no transgénicas al cultivar bajo las condiciones selectivas descritas anteriormente. Además, la transformación estable de los plástidos es ventajosa ya que los plástidos se heredan por vía materna en la mayor parte de los cultivos, reduciendo o eliminando el riesgo de flujo transgénico a través del polen. La transformación del genoma del cloroplasto generalmente se realiza mediante un procedimiento que han presentado esquemáticamente Klaus y col., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225–229]. En resumen, las secuencias a transforman se clonan junto con un gen marcador de selección entre las secuencias flanqueantes homólogas al genoma del cloroplasto. Estas secuencias flanqueantes homólogas dirigen la integración específica de sitio en el plastota. La transformación plastidial se ha descrito para muchas especies de plantas diferentes y se ofrece una revisión en Bock (2001) Transgenic plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 2001 Sep 21; 312 (3):425–38 o Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20–28. Recientemente se han descrito progresos biotecnológicos adicionales, en forma de transformantes plastidiales sin marcador, que pueden producirse mediante un gen marcador cointegrado transitorio (Klaus y col., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225–229).

Marcaje en activación de ADN T

El marcaje en activación de ADN-T (Hayashi y col., Science (1992) 1350–1353), implica la inserción de T-DNA, que normalmente contiene un promotor (también puede ser un potenciador de la traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 kb aguas arriba o abajo de la región codificante de un gen en una configuración tal que el promotor dirige la expresión del gen diana. Típicamente, la regulación de la expresión del gen diana mediante su promotor natural se interrumpe y el gen cae bajo el control del promotor recién introducido. El promotor normalmente está embebido en un ADN–T. Este ADN–T se inserta al azar en el genoma de la planta, por ejemplo, a través de infección por infección con *Agrobacterium* y conduce a la expresión modificada de genes cerca al ADN–T insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debido a la expresión modificada de los genes cercanos al promotor introducido.

TILLING

TILLING (Inducción Dirigida de Lesiones Locales en el Genoma) es una tecnología de mutagénesis útil para generar y/o identificar ácidos nucleicos que codifican proteínas con expresión y/o actividad modificadas. El TILLING también permite la selección de plantas que llevan dichas variantes mutantes. Estas variantes mutantes pueden presentar expresión modificada, en fuerza o en localización o en tiempo (si las mutaciones afectan, por ejemplo, al promotor). Estas variantes mutantes pueden presentar mayor actividad que la exhibida por el gen en su forma natural. El TILLING combina mutagénesis de alta densidad con procedimientos de detección de alto rendimiento. Las etapas que típicamente se siguen en el TILLING son: (a) mutagénesis EMS (Redei GP y Koncz C (1992) En Methods in Arabidopsis Research, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, pp. 16–82; Feldmann y col., (1994) en Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp 137 - -172; Lightner J y Caspar T (1998) en J Martinez–Zapater, J Salinas, eds, Methods on Molecular Biology, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, pp 91 - -104); (b) preparación y agrupamiento de ADN en individuos; (c) amplificación por PCR de una región de interés; (d) desnaturalización e hibridación para permitir la formación de heterodúplex; (e) DHPLC, donde la presencia de un heterodúplex en un grupo se detecta como un pico adicional en el cromatograma; (f) identificación del mutante individual; y (g) secuenciación del producto PCR mutante. En la técnica se conocen bien procedimientos de TILLING (McCallum y col., (2000) Nat Biotechnol 18: 455–457; revisado por Stemple (2004) Nat Rev Genet 5 (2): 145-50) 145–50).

Recombinación homologa

La recombinación homóloga permite la introducción en un genoma de un ácido nucleico seleccionado en una posición definida seleccionada. La recombinación homóloga es una tecnología convencional utilizada rutinariamente en ciencias biológicas para organismos inferiores tales como levaduras o el musgo *Physcomitrella*. Se han descrito procedimientos para realizar recombinación homóloga en plantas no solo para el modelo de plantas (Offringa y col., (1990) EMBO J 9(10): 3077 - -84) sino también para plantas de cultivo, por ejemplo arroz (Terada y col., (2002) Nat Biotech 20(10): 1030 - -4; lida y Terada (2004) Curr Opin Biotech 15(2): 132–8).

Rendimiento

El término “rendimiento” en general significa un producto medible de valor económico, típicamente relacionado con un cultivo, un área y un periodo de tiempo específicos. Las partes de planta individuales contribuyen directamente al rendimiento en base a su número, tamaño y/o peso, o el rendimiento real es el rendimiento por acre (4.046 m^2) de un cultivo y año, que se determina dividiendo la producción total (incluyendo la producción tanto cosechada como valorada) por metros cuadrados plantado.

Vigor inicial

El vigor inicial (crecimiento bien equilibrado saludable activo especialmente durante las etapas tempranas del crecimiento de la planta) puede ser el resultado del aumento de la idoneidad de la planta debido a, por ejemplo, plantas que están mejor adaptadas a su ambiente (es decir, optimizando el uso de fuentes de energía y repartiendo entre brotes y raíces). Las plantas que tienen vigor inicial también muestran supervivencia aumentada de la plántula y un mejor establecimiento del cultivo, que a menudo produce campos muy uniformes (creciendo el cultivo de una manera uniforme, es decir, alcanzando la mayoría de las plantas las diversas etapas de desarrollo a sustancialmente el mismo tiempo) y a menudo mejor y mayor rendimiento. Por lo tanto, el vigor inicial puede determinarse midiendo diversos factores, tales como, peso de mil granos, porcentaje de germinación, porcentaje de emergencia, crecimiento de la plántula, altura de la plántula, longitud de la raíz, biomasa del brote y de la raíz y muchos más.

Aumento/Mejora/Potenciación

Los términos "aumento", "mejora" o "potenciación" son intercambiables y significan en el sentido de la solicitud un rendimiento y/o crecimiento de al menos 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9 % o 10 %, preferentemente al menos 15 % o 20 %, más preferentemente 25 %, 30 %, 35 % o 40 más en comparación con las plantas control como se define en el presente documento.

Rendimiento de semillas

El rendimiento de semillas aumentado puede manifestarse por sí mismo como uno o más de los siguientes: a) un aumento en la biomasa de las semillas (peso total de las semillas) que puede establecerse sobre una semilla individual y/o por planta y/o por acre o hectárea; b) número de flores por planta aumentado; c) número de semillas (llenas) aumentado; d) tasa de llenado de semillas aumentado (que se expresa como la proporción entre el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas); e) índice de recolección aumentado, que se expresa como una proporción del rendimiento de partes cosechables, tales como semillas, dividido entre la biomasa total, y f) peso de mil granos (PMG) aumentado, que se extrapola a partir del número de semillas llenas contadas y su peso total. Un PMG aumentado puede ser el resultado de un tamaño y/o peso de semilla aumentado y también puede ser el resultado de un aumento en el tamaño del embrión y/o endospermo.

También puede manifestarse un aumento en el rendimiento de la semilla como un aumento del tamaño de la semilla y/o volumen de la semilla. Además, también puede manifestarse un aumento en el rendimiento de la semilla en sí mismo como un aumento en el área de semilla y/o longitud de semilla y/o anchura de semilla y/o un perímetro de semilla. Un aumento en el rendimiento también puede ser el resultado de una arquitectura modificada o puede producirse como un resultado de arquitectura modificada.

Plant

El término “planta” como se usa en el presente documento incluye plantas completas, ancestros y progenie de las plantas y partes de las plantas, incluyendo semillas, brotes, tallos, hojas, raíces (incluidos tubérculos), flores y tejidos y órganos, donde cada uno de los elementos mencionados anteriormente comprende el gen/ácido nucleico de interés. El término “planta” también abarca células vegetales, cultivos en suspensión, tejido de callo, embriones, regiones meristemáticas, gametofitos, esporofitos, polen y microesporas, de nuevo donde cada uno de los elementos mencionados anteriormente comprende el gen/ácido nucleico de interés.

Las plantas que son particularmente útiles en los procedimientos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia Viridiplantae, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo forraje o leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimenticios, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acer spp., Actinidia* spp., *Abelmoschus* spp., *Agave sisalana, Agropyron* spp., *Agrostis stolonifera, Allium* spp., *Amaranthus* spp., *Ammophila arenaria, Ananas comosus, Annona* spp., *Apium graveolens, Arachis spp,*

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

Descripción detallada de la invención

Sorprendentemente, ahora se ha comprobado que el aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15 como se define en el presente documento produce plantas que tienen un mayor rendimiento en cuanto a las semillas y/o la biomasa aérea con respecto a las plantas control. Por tanto, la invención proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de las semillas y/o la biomasa aérea con respecto a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 como se define en el presente documento.

Un procedimiento preferido para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 es introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15 como se define en el presente documento.

Como se define en el presente documento, un “polipéptido del factor de transcripción SPL15” se refiere a un polipéptido que comprende un de N-terminal a C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 98 % con el DBP de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y (iii) Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278. Los aminoácidos más conservados dentro del motivo 1 son XLXFGXXXYFX y dentro del motivo DSXXALSLLSX (donde X es un subconjunto de aminoácidos que difieren para cada posición, como se presenta en la SEC ID N°: 276 y la SEC ID Nº 277). Dentro del motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición, y / o uno, dos o tres cambios no conservadore(s) en cualquier posición.

Además, el polipéptido factor de transcripción SPL15 puede comprender uno cualquiera o ambos de los siguientes: (a) un tramo rico en G / S que precede al DBD del SPL; y (b) el tripéptido W (S / T) L en el extremo C-terminal del polipéptido.

Un ejemplo de un polipéptido de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento que comprende de N-terminal a C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 98 % con el DBP de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y (iii) Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278; y, además, que comprende: (a) un tramo rico en G / S que precede al DBD del SPL; y (b) el tripéptido W (S / T) L en el extremo C-terminal del polipéptido, se representa como en la SEC ID Nº 235. Otros ejemplos de este tipo están representados por una cualquiera de las SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287 U ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº mencionadas anteriormente. La invención se ilustra mediante la transformación de plantas con la secuencia de Arabidopsis thaliana representada por la SEC ID Nº 234, que codifica el polipéptido de la SEC ID N°: 235. SEC ID Nº 237 de *Arabidopsis thaliana* (codificada por la SEC ID Nº: 236) es un parálogo del

polipéptido de SEC ID Nº 235. SEC ID Nº 239 (codificada por la SEC ID Nº: 238, de *Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens),* SEC ID Nº: 241 (codificada por la SEC ID Nº: 240, de *Gossypium hirsutum),* SEC ID Nº: 243 (codificada por la SEC ID Nº: 242, de *Ipomoea nil*), SEC ID Nº 245 (codificada por la SEC ID Nº: 244, de *Lactuca sativa*), SEC ID Nº: 247 (codificada por la SEC ID Nº: 246, de *Malus domestica*), SEQ ID NO: 249 (codificada por la SEC ID Nº: 248, de *Medicago truncatula*), SEC ID Nº 251 (codificada por la SEC ID Nº: 250, de *Nicotiana bentamiana*), SEC ID Nº: 253 (codificada por la SEC ID Nº: 252, de *Oryza sativa*), SEC ID Nº: 255 (codificada por la SEC ID Nº: 254, de *Oryza sativa*), SEC ID Nº: 257 (codificada por la SEC ID Nº: 256, de *Solanum tuberosum* SEC ID Nº: 259 (codificada por la SEC ID Nº: 258, de *Vitis vinifera*), SEC ID Nº: 261 (codificada por la SEC ID Nº: 260, de *Zea mays*), SEC ID Nº: 263 (codificada por la SEC ID Nº: 262, de *Zea mays*), SEC ID Nº: 283 (codificada por la SEC ID Nº: 282, *Brassica rapa*), SEC ID Nº: 285 (codificada por la SEC ID Nº: 284, *Glycine max*), y SEC ID Nº 287 (codificada por la SEC ID Nº: 286, *Populus tremuloides*) son ortólogos del polipéptido de la SEC ID Nº 235.

Los ortólogos y parálogos pueden identificarse fácilmente realizando una búsqueda BLAST denominada reciproca. Esto se puede hacer mediante un primer BLAST que implica una secuencia de consulta BLASTing (por ejemplo, SEC ID Nº 234 o SEC ID Nº 235) contra cualquier base de datos de secuencias, tal como la base de datos NCBI públicamente disponible. BLASTN o TBLASTX (utilizando valores predeterminados convencionales) pueden usarse cuando se parte de una secuencia de nucleótidos y BLASTP o TBLASTN (usando valores predeterminados convencionales) pueden usarse cuando se parte de una secuencia polipeptídica. Los resultados BLAST pueden filtrarse opcionalmente. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o los resultados no filtrados vuelven después a buscarse con BLAST (segundo BLAST) contra las secuencias del organismo del cual deriva la secuencia de consulta (donde la secuencia de consulta es la SEC ID N°: 234 o SEC ID Nº 235, por lo que el segundo BLAST se realizaría contra las secuencias de *Arabidopsis*). Después se comparan los resultados del primer y segundo BLAST. Se identifican un parálogo si un acierto de alta clasificación del primer BLAST es de la misma especie de la que procede la secuencia de consulta, después, un BLAST posterior da como resultado idealmente la secuencia de consulta como el mayor acuerdo (además de la misma); un ortólogo se identifica si un acierto de alta clasificación en el primer BLAST no es de la misma especie de la que procede la secuencia de consulta, y preferentemente los resultados basados en un BLAST posterior en la secuencia de consulta se encuentran entre los mayores aciertos. Los aciertos de alta clasificación son aquellos que tienen un valor E bajo. Cuanto menor es el valor E, más significativa la puntuación (o en otras palabras menor es la probabilidad de que se encuentre el acierto casualmente). El cálculo del valor E es bien conocido en la técnica. Además de los valores E, las comparaciones también se puntúan mediante el porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad se refiere al número de nucleótidos (o aminoácidos) idénticos entre las dos secuencias de ácidos nucleicos (o polipéptido) comparadas sobre una longitud particular. Un ejemplo que detalla la identificación de ortólogos y parálogos se da en el Ejemplo 1. En el caso de grandes familias, puede usarse ClustalW, seguido de la generación de un árbol de unión del vecino más próximo para ayudar a visualizar el agrupamiento de los genes relacionados y para identificar los ortólogos y parálogos. En la Figura 1, los parálogos y ortólogos de los polipéptidos del factor de transcripción SPL15 se agrupan juntos.

Los polipéptidos representados por una cualquiera de la SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287, U ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº mencionadas anteriormente, todos comprenden un DPB de SPL que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 98 % con el DBP de SPL15 representado por la SEC ID Nº: 277.

Los DBP de SPL se conocen bien en la técnica y los expertos en la materia pueden identificarlo fácilmente. Un DBP de SPL puede identificarse utilizando procedimientos para la alineación de secuencias para comparar. Los procedimientos para el alineamiento de las secuencias para comparación son incluyen GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. GAP utiliza el algoritmo de Needleman y Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443 - -453) para encontrar el alineamiento de las dos secuencias completas que maximizan el número de emparejamientos y minimiza el número de huecos. El algoritmo BLAST (Altschul y col., (1990) J Mol Biol 215: 403 - -10) calcula el porcentaje de identidad de secuencia y desarrolla un análisis estadístico de la similitud entre las dos secuencias. El software para realizar el análisis BLAST está públicamente disponible a través del National Centre for Biotechnology Information. Los homólogos pueden identificarse fácilmente usando, por ejemplo, el algoritmo de alineamiento de secuencia múltiple ClustalW (versión 1,83) disponible en el servicio de GenomeNet en el Kyoto University Bioinformatics Center, con los parámetros de alineamiento por pares predeterminados y un procedimiento de puntuación en porcentaje. Puede realizarse una edición manual menor para optimizar el alineamiento entre los motivos conservados, como sería obvio para un experto en la técnica. La alineación mostrada en las Figuras 2 y 3 destaca el DBP del SPL en los polipéptidos del factor de transcripción SPL15. Preferentemente, los polipéptidos del factor de transcripción SPL15 útiles en los procedimientos de la invención comprenden un DPB de SPL que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 98 % con el DBP de SPL representado por la SEC ID Nº: 277.

En algunos casos, los parámetros por defecto se pueden ajustar para modificar la rigurosidad de la búsqueda. Por ejemplo utilizando BLAST, el umbral de significación estadística (denominado valor “previsto”) para indicar las coincidencias contra secuencias de bases de datos se puede aumentar para mostrar coincidencias menos estrictas.

De esta manera, se pueden identificar las coincidencias cortas casi exactas. El Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278 ambos comprendidos en los polipéptidos del factor de transcripción SPL15 útiles en los procedimientos de la invención pueden identificarse de esta manera (Figura 3). Dentro del motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición, y / o uno, dos o tres cambios no conservadore(s) en cualquier posición. El tripéptido W (S / T) L en el extremo C-terminal del polipéptido podrá igualmente identificarse (Figura 3).

También existen bases de datos especializadas para la Identificación de dominios, El DBD de SPL en un polipéptido de factor de transcripción SPL15 puede identificarse utilizando, por ejemplo, SMART (Schultz y col., (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857–5864; Letunic y col., (2002) Nucleic Acids Res 30, 242–244; alojado por el EMBL en Heidelberg, Alemania), InterPro (Mulder y col., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315–318; alojados por EMBL en el European Bioinformatics Institute (EBI) en el Reino Unido), Prosite (Bucher y Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretation. (En) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., pp53–61, AAAIPress, Menlo Park; Hulo y col., Nucl. Acids. Res. 32: D134–D137, (2004), El servidor de proteomlcs ExPASy se proporciona como servicio para la comunidad científica (alojado por el Swlss Instltute of Blolnformatlcs (SIB) en Suiza) o Pfam (Bateman y col., Nucleic Acids Research 30(1): 276–280 (2002), alojado por el Sanger Institute en el Reino Unido). El DBD de SPL en la base de datos InterPro se designa IPR004333, PF03110 en la base de datos Pfam y PS51141 en la base de datos PROSITE.

Además, la presencia de tramo rico en G / S que precede al DBD de SPL puede también identificarse fácilmente (Figura 3). La composición primaria de aminoácidos (en %) para determinar si un dominio de polipéptido es rico en aminoácidos específicos se puede calcular usando programas de software del servidor ExPASy, en particular, la herramienta ProtParam (Gasteiger E y col., (2003) ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. Nucleic Acids Res 31:3784 - -3788). La composición de la proteína de interés puede compararse después con la composición de aminoácidos media (en %) en el banco de datos de secuencias de proteínas Swiss-Prot. Dentro de este banco de datos, el contenido promedio de Gly (G) y Ser (E) son ambos del 6,9 % (añadiendo hasta 13,8 %). Como ejemplo, el tramo rico en G / S que precede al DBD de SPL de la SEC ID Nº 235 contiene 14,5 % de G y 25,5 % de S (añadiendo hasta 40 %). Como se define en el presente documento, una tramo rico en G/S tiene un contenido combinado de G y S (en términos de %) por encima de lo que se encuentran en la composición promedio de aminoácidos (en términos de %) de las proteínas en la base de datos de secuencias proteicas Swiss-Prot. Tanto G como S pertenecen a la categoría de aminoácidos muy pequeños.

El ácido nucleico que codifica los polipéptidos representados por una cualquiera de las SEC ID Nº 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287, o ortólogos o parálogos de cualquiera de SEC ID Nº mencionadas anteriormente, no necesitan ser ácidos nucleicos de longitud completa, ya que el rendimiento de los métodos de la invención no se basa en el uso de secuencias de ácido nucleico de longitud completa. Además, los ejemplos de ácidos nucleicos adecuados para su uso en la realización de los procedimientos de la invención incluyen, pero no se limitan a, los representados por una cualquiera de: SEC ID Nº 234, SEC ID Nº 236, SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286. Variantes de ácidos nucleicos también pueden ser útiles en la práctica de los procedimientos de la invención. Los ejemplos de tales variantes incluyen porciones de ácidos nucleicos, variantes de corte y empalme, variantes alélicas de origen natural u obtenidas por manipulación del ADN.
Una porción de un ácido nucleico puede prepararse, por ejemplo, realizando una o más deleciones en el ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento. Las porciones pueden usarse en forma aislada o pueden fusionarse con otras secuencias codificantes (o no codificantes) para, por ejemplo, producir una proteína que combine varias actividades. Cuando se fusiona con otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido después de la traducción puede ser más grande que el esperado para la porción del factor de transcripción SPL15. Las porciones útiles en los procedimientos de la invención codifican un polipéptido del factor de transcripción SPL15 (como se ha descrito anteriormente) y tiene sustancialmente la misma actividad biológica que el polipéptido del factor de transcripción SPL15 representado por cualquiera de las SEC ID Nº: 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287 u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº mencionadas anteriormente. Ejemplos de porciones pueden incluir los nucleótidos que codifican el motivo 1 como se representa por la SEC ID Nº: 276; en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 98 % con el DBP de SPL representado por la SEC ID Nº: 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278. Las porciones pueden incluir, además, los nucleótidos que codifican el tramo rico en G / S o el tripéptido W(S/T)L (pero no necesariamente los nucleótidos que codifican las secuencias de aminoácidos entre cualquiera de estos). La porción tiene típicamente al menos 250 nucleótidos de longitud, preferiblemente al menos 500 nucleótidos de longitud, más preferiblemente al menos 750 nucleótidos de longitud y más preferiblemente al menos 1.000 nucleótidos de longitud. Preferentemente, la porción es una porción de un ácido nucleico como se representa por una cualquiera de la SEC ID Nº 234, SEC ID Nº 236,

SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286. Lo más preferentemente, la porción de un ácido nucleico como se representa en la SEC ID Nº 234.

Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención es un ácido nucleico capaz de hibridarse, en condiciones de rigurosidad reducida, preferentemente en condiciones rigurosas, con un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15 como se ha definido en el presente documento anteriormente o con un porción como se ha definido en el presente documento anteriormente.

Las secuencias de hibridación útiles en los procedimientos de la invención codifican un polipéptido que comprende de N-terminal a C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 98 % con el DBP de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y (iii) Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, y que tiene sustancialmente la misma actividad biológica que los polipéptidos factor de transcripción SPL15 representados por la SEC ID Nº: 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287 u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº mencionadas anteriormente. La secuencia de hibridación tiene típicamente al menos 250 nucleótidos de longitud, preferiblemente al menos 500 nucleótidos de longitud, más preferiblemente al menos 750 nucleótidos de longitud y más preferiblemente al menos 1.000 nucleótidos de longitud. Preferentemente, la secuencia de hibridación es una que es capaz de hibridarse con cualquiera de los ácidos nucleicos representados por la SEC ID Nº 234, SEC ID Nº 236, SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286, o a una porción de cualquiera de las secuencias mencionadas anteriormente, siendo una porción como se ha definido anteriormente. Lo más preferiblemente, la secuencia de hibridación es capaz de hibridar con la SEC ID Nº 234, o porciones de la misma.

Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la solicitud es una variante de corte y empalme que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento.

Las variantes de corte y empalme preferidas son variantes de corte y empalme de un ácido nucleico que codifica el polipéptido del factor de trascripción SPL15 representado por cualquiera de las SEC ID Nº 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285 o SEC ID Nº: 287 o variantes de corte y empalme que codifican ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº: 234, SEC ID Nº 236, SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286 mencionadas anteriormente. La más preferida es una variante de corte y empalme de una secuencia de ácido nucleico como se representa en la SEC ID Nº 234.

Otra variante de ácido nucleico útil en la realización de los procedimientos de la invención es una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento.

La variante alélica puede ser una variante alélica de un ácido nucleico que codifica el polipéptido del factor de trascripción SPL15 representado por cualquiera de las SEC ID Nº: 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285 o SEC ID Nº: 287, o una variante alélica de un ácido nucleico que codifica ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº. Más preferidas son las variantes alélicas de los ácidos nucleicos representados por una cualquiera de las SEC ID Nº: 234, SEC ID Nº 236, SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286. La más preferida es una variante alélica de un ácido nucleico como se representa en la SEC ID Nº 234.

Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención es una variante de ácido nucleico que se obtiene por redistribución de genes. La redistribución de genes o evolución dirigida también puede usarse para generar variantes de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos del factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento.

Además, también pueden obtenerse variantes de ácido nucleico por mutagénesis dirigida a sitio. Se dispone de diversos procedimientos para realizar mutagénesis dirigida a sitio; siendo los más frecuentes los procedimientos basados en PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley (Eds)).

También son útiles en los procedimientos de la invención los ácidos nucleicos que codifican homólogos de una

cualquiera de las secuencias de aminoácidos representadas por las SEC ID Nº: 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287 u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº mencionadas anteriormente.

También son útiles en los procedimientos de la invención los ácidos nucleicos que codifican derivados de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos representadas por las SEC ID Nº: 235, SEC ID Nº 237, SEC ID Nº 239, SEC ID Nº 241, SEC ID Nº 243, SEC ID Nº 245, SEC ID Nº 247, SEC ID Nº 249, SEC ID Nº 251, SEC ID Nº 253, SEC ID Nº 255, SEC ID Nº 257, SEC ID Nº 259, SEC ID Nº 261, SEC ID Nº: 263, SEC ID Nº 283, SEC ID Nº 285, SEC ID Nº 287 u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID Nº mencionadas anteriormente. “Derivados” incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, que pueden, en comparación con la secuencia de aminoácidos de forma natural de la proteína, tal como la presentada en la SEC ID Nº 235, comprender sustituciones de aminoácidos con restos de aminoácido de origen no natural, o adiciones de restos de aminoácido de origen no natural.

Además, los polipéptidos deL factor de transcripción SPL15 (al menos en su forma nativa) normalmente tienen una actividad de unión a ADN y un dominio de activación. Un experto en la técnica puede determinar fácilmente la presencia de un dominio de activación y la actividad de unión a ADN utilizando herramientas y técnicas de rutina.

Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos del factor de transcripción SPL15 pueden proceder de cualquier fuente natural o artificial. El ácido nucleico puede modificarse con respecto a su forma nativa en composición y/o en medio genómico a través de manipulación humana deliberada. Preferentemente el ácido nucleico que codifica el polipéptido del factor de transcripción SPL15 es de una planta, adicionalmente de manera preferente, de una planta dicotiledónea, más preferentemente de la familia *Brassicaceae*, aún más preferentemente el ácido nucleico es de *Arabidopsis thaliana.*

Por tanto, cualquier referencia en este documento a un polipéptido del factor de transcripción SPL15 se considera que significa un péptido factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente. Cualquier ácido nucleico que codifica un polipéptido tal factor de transcripción SPL15 de este tipo es adecuado para su uso en la realización de los procedimientos de la invención.

La invención también proporciona construcciones génicas y vectores para facilitar la introducción y/o expresión en una planta de las secuencias de ácido nucleico útiles en los procedimientos de acuerdo con la invención.

Por tanto, se proporciona una construcción que comprende:

(i) un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente;

(ii) una o más secuencias de control unidas operablemente al ácido nucleico de (i).

Las construcciones útiles en los procedimientos de acuerdo con la presente invención se pueden construir utilizando tecnología de ADN recombinante bien conocida por las personas expertas en la técnica. Las construcciones génicas se pueden insertar en vectores, que pueden estar comercialmente disponibles, adecuados para transformar en plantas y adecuados para la expresión del gen de interés en las células transformadas. La invención también proporciona el uso de una construcción génica como se ha definido anteriormente en el presente documento en los procedimientos de la invención.

Las plantas se transforman con un vector que comprende cualquiera la secuencia de interés (es decir, un ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 como se define en el presente documento). El experto en la técnica conocerá los elementos genéticos que deben estar presentes en el vector para transformar, seleccionar y propagar satisfactoriamente células huésped que contengan la secuencia de interés. La secuencia de interés está unida operablemente a una o más secuencias de control (al menos a un promotor). Ventajosamente, cualquier tipo de promotor, ya sea natural o sintético, puede usarse para dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos. El promotor puede ser un promotor inducible, es decir, que ha inducido o incrementado el inicio de la transcripción en respuesta a un estímulo del desarrollo, químico, ambiental o físico. El promotor puede ser un promotor específico de tejido, es decir uno que es capaz de iniciar la transcripción preferentemente en ciertos tejidos, tales como las hojas, raíces, tejido de la semilla, etc.

De acuerdo con la invención, el ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 está unido operablemente a un promotor constitutivo. El promotor constitutivo es preferiblemente un promotor HMGB (grupo B de movilidad alta), más preferentemente el promotor constitutivo es un promotor HMGB de arroz, más preferentemente el promotor constitutivo está representado por una secuencia de ácido nucleico sustancialmente similar a la SEC ID Nº 279, lo más preferentemente, el promotor constitutivo es como se representa mediante la SEC ID Nº 279 o SEC ID Nº 294.

Debe aclararse que la aplicabilidad de la presente invención no está limitada al ácido nucleico que codifica el polipéptido del factor de transcripción SPL15 representado por la SEC ID N°: 234, ni la aplicabilidad de la invención está limitada a la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15

cuando se está dirigido por un promotor HMGB. Ejemplos de otros promotores constitutivos que también pueden utilizarse para realizar los procedimientos de la invención se muestran en la sección de definiciones.

Los elementos reguladores adicionales para aumentar la expresión de ácidos nucleicos o genes o productos génicos pueden incluir potenciadores transcripcionales así como traduccionales. Los expertos en la técnica conocerán las secuencias terminadoras de terminación y potenciadoras que pueden ser adecuados para su uso en la realización de la invención. Otras secuencias de control (además de las secuencias promotoras, potenciadoras, silenciadoras, intrónicas, regiones 3'UTR y/o 5'UTR) pueden ser elementos estabilizadores de proteína y/o ARN. Tales secuencias serían conocidas o pueden obtenerlas fácilmente un experto en la técnica. Opcionalmente, una o más secuencias terminadoras (también una secuencia control) se pueden utilizar en la construcción introducida en una planta.

También puede añadirse una secuencia intrónica a la región no traducida en 5' (UTR) o la secuencia codificante de la secuencia de codificación parcial para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol.

Las construcciones genéticas de la invención pueden incluir además una secuencia del origen de secuencia de replicación que se requiere para el mantenimiento y / o replicación en un tipo celular específico. Un ejemplo es cuando se requiere mantener una construcción genética para en una célula bacteriana como un elemento genético episomal (por ejemplo, una molécula de plásmido o de cósmido). Los orígenes preferidos de replicación incluyen, entre otros, el f1–ori y colE1.

La construcción genética puede comprender opcionalmente un gen marcador seleccionable.

Por tanto, la invención proporciona un procedimiento para la producción de plantas transgénicas que tienen rendimiento de semillas y/o de biomasa aérea aumentado con respecto a las plantas de control, que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento.

Más específicamente, la presente invención proporciona un procedimiento para la producción de plantas transgénicas que tienen mayor rendimiento de semillas y/o de biomasa aérea con respecto a las plantas control, en el que el procedimiento comprende:

i) introducir y expresar en una célula de planta un ácido nucleico que codifica polipéptido de factor de transcripción SPL15; y

(ii) cultivar la célula vegetal en condiciones que estimulan el crecimiento y desarrollo de la planta.

El ácido nucleico puede introducirse directamente en una célula de planta o en la propia planta (incluyendo la introducción en un tejido, órgano o en cualquier otra parte de una planta). De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, el ácido nucleico se introduce preferentemente en una planta por transformación.

Generalmente después de la transformación, se seleccionan células vegetales o agrupaciones de células para determinar la presencia de uno o más marcadores que están codificados por genes expresables en plantas cotransferidos con el gen de interés, tras lo cual el material transformado se regenera en una planta entera.

Después de la transferencia de ADN y la regeneración, las plantas transformadas putativamente se pueden evaluar, por ejemplo utilizando análisis de tipo Southern, para detectar la presencia del gen de interés, el número de copias y / o la organización genómica. Alternativamente o adicionalmente, los niveles de expresión del ADN recién introducido pueden controlarse utilizando análisis de tipo Northern y/o Western, o PCR cuantitativa, siendo todas las técnicas bien conocidas por los expertos habituales en la técnica.

Las plantas transformadas generadas se pueden propagar mediante diversos medios, tales como por propagación clonal o técnicas de reproducción clásicas. Por ejemplo, una primera generación (o T1) de planta transformada puede autofecundarse para dar transformantes de la segunda generación homocigota (o T2) y las plantas T2 se propagan adicionalmente a través de técnicas clásicas de reproducción.

Los organismos transformados generados pueden adoptar diversas formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y de células no transformadas; transformantes clonales (por ejemplo, todas las células transformadas que contengan el casete de expresión); injertos de tejidos transformados y no transformados (por ejemplo, en plantas, una planta madre transformada injertada a un vástago no transformado).

La presente invención se extiende claramente a cualquier célula vegetal o planta producida mediante cualquiera de los procedimientos descritos en el presente documento, y a todas las partes de plantas y propágulos de las mismas. La presente invención se extiende además se para incluir la progenie de una célula, tejido u órgano primario transformado o transfectado o la planta completa que se ha producido mediante cualquiera de los procedimientos anteriormente mencionados, siendo el único requisito que la progenie presente las mismas características genotípicas y/o fenotípicas que las producidas por el precursor en los procedimientos de acuerdo con la memoria descriptiva.

La invención también incluye células huésped que contienen un ácido nucleico aislado que codifica un polipéptido

factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente en el presente documento. Las células huésped preferidas de acuerdo con la invención son células vegetales.

La invención también se extienden a partes cosechables de una planta, tales como, pero sin limitación, semillas, hojas, frutos, flores, tallos, raíces, rizomas, tubérculos y bulbos. La invención adicionalmente se refiere a productos derivados, preferentemente derivados directamente, de una parte cosechable de dicha planta, tales como gránulos secos o polvos, aceite, grasa y ácidos grasos, almidón o proteínas.

Como se ha mencionado anteriormente, un procedimiento preferido para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 es introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 ; sin embargo, también pueden obtenerse los efectos de la realización del procedimiento, es decir aumentar el rendimiento de semillas y/o la biomasa aérea, usando otras técnicas bien conocidas. A continuación se proporciona una descripción de estas técnicas.

Una de estas técnicas es el marcaje en activación de ADN-T. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debido a la expresión modificada de los genes cercanos al promotor introducido.

Los efectos de la invención también pueden reproducirse usando la técnica de TILLING (Targeted Induced Local Lesions In Genomes).

Los efectos de la invención también pueden reproducirse usando recombinación homologa.

“Rendimiento aumentado” como se define en el presente documento se considera que significa un aumento en la biomasa (peso) de una o más partes de una planta, que puede incluir partes sobre la superficie (cosechables) y/o partes (cosechables) por debajo de la superficie.

En particular, dichas partes cosechables incluyen la biomasa vegetativa y / o las semillas y la realización de los procedimientos de la invención da como resultado plantas que tienen rendimiento aumentado (en la biomasa vegetativa y / o las semillas) con respecto al rendimiento de las plantas control.

Tomando el maíz como un ejemplo, un aumento en el rendimiento puede manifestarse como uno o más de los siguientes: aumento en el número de plantas establecido por hectárea o acre, un aumento en el número de espigas por planta, un aumento en el número de filas, número de granos por fila, peso de grano, peso de mil granos, longitud/diámetro de espiga, aumento en la tasa de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas y multiplicado por 100), entre otros. Tomando el arroz como un ejemplo, un aumento en el rendimiento puede manifestarse como un aumento en uno o más de los siguientes: número de plantas por hectárea o acre, número de panículas por planta, número de espiguillas por panícula, número de flores (floretes) por panícula (que se expresa como una proporción del número de semillas llenas dividido entre el número de panículas primarias), aumento en la tasa de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas y multiplicado por 100), aumento en peso de mil granos, entre otros.

Dado que las plantas transgénicas de acuerdo con la presente invención tienen un rendimiento de semillas y/o biomasa aérea aumentado, es probable que estas plantas presenten una tasa de crecimiento aumentada (durante al menos parte de su ciclo de vida), con respecto a la tasa de crecimiento de las correspondientes plantas de tipo silvestre en una etapa correspondiente en su ciclo de vida. La tasa de crecimiento aumentada puede ser específica de una o más partes de una planta (incluyendo semillas) o puede ser sustancialmente en toda la planta. Una planta que tiene una tasa de crecimiento aumentada puede incluso exhibir una floración temprana. El aumento en la tasa de crecimiento puede alterar el ciclo de la cosecha de una planta, lo que permite que las plantas se siembren más tarde y/o se cosechen más pronto de lo que de otra manera sería posible. Si la tasa de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra adicional de semillas de la misma especie de la planta (por ejemplo siembra y cosecha de plantas de arroz, seguido de siembra y cosecha de plantas de arroz adicionales todas dentro de un periodo de crecimiento convencional). De manera similar, si la tasa de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra adicional de semillas de diferentes especies de plantas (por ejemplo, la siembra y cosecha de plantas de maíz seguidas de, por ejemplo, la siembra y cosecha opcional de plantas de soja, patata o cualquier otra planta adecuada). Los tiempos de cosecha adicionales del mismo rizoma en el caso de algunas plantas de cultivo también pueden ser posible. Alterar el ciclo de cosecha de una planta puede conducir a un aumento en la producción de biomasa anual por acre (debido a un aumento en el número de tiempos (digamos en un año) que se puede cultivar y cosechar cualquier planta particular). Un aumento en la tasa de crecimiento también puede permitir el cultivo de plantas transgénicas en un área geográfica más amplia que sus homólogos de tipo silvestre, debido a que las limitaciones territoriales para cosechar un cultivo a menudo se determinan por condiciones ambientales adversas en el momento de plantar (estación temprana) o en el momento de la recolección (estación tardía). Dichas condiciones adversas pueden evitarse si se acorta el ciclo de cosecha. La tasa de crecimiento puede determinarse derivando diversos parámetros a partir de las curvas de crecimiento, dichos parámetros pueden ser: T-Medio (el tiempo que tarda una planta en alcanzar el 50 % de su tamaño máximo) y T-90 (el tiempo que tarda una planta en alcanzar el 90 % de su tamaño de máximo), entre otros.

En el presente documento se describe un procedimiento para incrementar la tasa de crecimiento de las plantas,

cuyo procedimiento comprende incrementar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15.

Un aumento en el rendimiento de semillas y/o la biomasa aérea y/o en la tasa de crecimiento se produce cuando la planta está en condiciones de cero estrés o cuando la planta está expuesta a diversos tipos de estrés en comparación con las plantas de control. Típicamente las plantas responden a exposición frente al estrés creciendo más lentamente. En condiciones de estrés intenso, la planta puede incluso detener por completo el crecimiento. Por otro lado, estrés leve se define en el presente documento como cualquier estrés al que se expone una planta que no da como resultado el cese total del crecimiento de la planta sin la capacidad de reanudar el crecimiento. El estrés leve, en el sentido de la invención, conduce a una reducción en el crecimiento de la planta sometida a estrés de menos de 40 %, 35 % o 30 %, preferentemente menos del 25 %, 20 % o 15 %, más preferentemente menos del 14 %, 13 %, 12 %, 11 % o 10% o menos en comparación con la planta de control en condiciones de estrés cero. Debido a los avances en las prácticas agrícolas (riego, fertilización, tratamientos con pesticidas), las formas de estrés intenso no se encuentran frecuentemente en plantas cultivadas. Como una consecuencia, el crecimiento comprometido inducido por estrés leve es a menudo una característica indeseable para la agricultura. El estrés leve es un estrés biótico y/o abiótico diario (ambiental) al cual está expuesto la planta. El estrés abiótico puede deberse a sequía o a exceso de agua, a estrés anaeróbico, estrés salino, toxicidad química, estrés oxidativo y a temperaturas altas, frías o heladas. El estrés abiótico puede ser un estrés osmótico provocado por estrés al agua (particularmente debido a sequía), estrés salino, estrés oxidativo y estrés iónico. El estrés biótico es típicamente aquel estrés provocado por patógenos, tales como bacterias, virus, hongos, e insectos.

En particular, los procedimientos descritos en el presente documento pueden realizarse en condiciones de cero estrés o en condiciones de sequía leve para dar plantas que tienen un rendimiento de semillas y/o biomasa aérea aumentado con relación a plantas de control. Como describen Wang y col., (Planta (2003) 218: 1–14), el estrés abiótico conduce a una serie de cambios morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares que afectan adversamente al crecimiento de las plantas y a su productividad. Se sabe que la sequía, la salinidad, las temperaturas extremas y el estrés oxidativo se interconectan y que pueden inducir daño celular y en el crecimiento a través de mecanismos similares. Rabbani y col., (Plant Physiol (2003) 133: 1755–1767) describen un grado particularmente alto de “interferencia” entre estrés por sequía y estrés por alta salinidad. Por ejemplo, la sequía y/o salinización se manifiestan principalmente como estrés osmótico, que produce la interrupción de la homeostasis y la distribución de iones en la célula. El estrés oxidativo, que frecuentemente acompañada a estrés por temperaturas altas o bajas, por salinidad o por sequía, puede producir desnaturalización de las proteínas funcionales y estructurales. Como una consecuencia, este diverso estrés ambiental a menudo activa rutas de señalización celular y respuestas celulares similares, tales como la producción de proteínas de estrés, regulación por aumento de antioxidantes, acumulación de solutos compatibles y paralización del crecimiento. La expresión en condiciones de “estrés cero” como se usa en el presente documento son las condiciones ambientales que permiten el crecimiento de las plantas. Los expertos en la técnica saben cuáles son las condiciones normales en el suelo y las condiciones climáticas en una localización determinada.

La realización de los procedimientos de la invención da lugar a plantas cultivadas en condiciones de cero estrés o en condiciones de sequía leve de rendimiento de semillas y/o biomasa aérea aumentado con respecto a plantas de control que crecen en condiciones comparables. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de semillas y/o biomasa aérea en plantas que crecen en condiciones de cero estrés o en condiciones de sequía leve, cuyo procedimiento comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL15.

La realización de los procedimientos de la invención da lugar a plantas cultivadas en condiciones de déficit de nutrientes, particularmente en condiciones de déficit de nitrógeno, rendimiento de semillas y/o biomasa aérea aumentado con respecto a plantas de control que crecen en condiciones comparables. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de semillas y/o biomasa aérea en plantas que crecen en condiciones de condiciones de déficit de nutrientes, cuyo procedimiento comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL15. El déficit de nutrientes puede producirse por una carencia o un exceso de nutrientes tales como nitrógeno, fosfatos y otros compuestos que contienen fósforo, potasio, calcio, cadmio, magnesio, manganeso, hierro y boro entre otros.

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

La presente invención también abarca plantas que pueden obtenerse mediante los procedimientos de acuerdo con la presente invención. Por consiguiente, la presente invención proporciona plantas, partes y células de dichas plantas obtenibles por los procedimientos de acuerdo con la presente invención, en los que las plantas o partes o

células comprenden un transgén de ácido nucleico que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 como se ha definido anteriormente.

La presente invención también abarca el uso de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos de factor de transcripción SPL15 en el aumento de rendimiento de semillas y / o la biomasa aérea en una planta en comparación con el rendimiento de semillas y / o biomasa aérea en una planta de control.

En particular, el rendimiento de semillas puede incluir uno o más de los siguientes: aumento del número de flores por panícula, aumento del peso total de las semillas, aumento del número total de semillas, aumento del número de semillas (llenas), aumento en peso de mil granos (PMG) y aumento del índice de recolección.

Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos del factor de transcripción SPL15 pueden encontrar uso en programas de reproducción en el que se identifica un marcador de ADN que puede estar genéticamente unido a un gen que codifica el polipéptido factor de transcripción SPL15. Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos factor de transcripción SPL15 pueden usarse para definir un marcador molecular. Este marcador de puede después usarse en programas de reproducción para seleccionar plantas que un rendimiento de semillas aumentado. Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos factor de transcripción SPL15 pueden ser, por ejemplo, un ácido nucleico como se representado por una cualquiera de las SEC ID Nº: 234, SEC ID Nº 236, SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286.

Las variantes alélicas de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de factor de transcripción SPL15 también pueden encontrar uso en programas de reproducción asistida mediante marcador. Dichos programas de reproducción a veces requieren la introducción de variación alélica por tratamiento mutagénico de las plantas, usando, por ejemplo, mutagénesis con EMS; como alternativa, el programa puede comenzar con una colección de variantes alélicas de origen denominado “natural” producida involuntariamente. A continuación, la identificación de variantes alélicas se realiza, por ejemplo, por PCR. A esto le sigue una etapa de selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que dará un rendimiento de semillas aumentado. La selección se realiza típicamente supervisando el rendimiento del crecimiento de las plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión, por ejemplo variantes alélicas de una cualquiera de las SEC ID Nº: 234, SEC ID Nº 236, SEC ID Nº 238, SEC ID Nº 240, SEC ID Nº 242, SEC ID Nº 244, SEC ID Nº 246, SEC ID Nº 248, SEC ID Nº 250, SEC ID Nº 252, SEC ID Nº 254, SEC ID Nº 256, SEC ID Nº 258, SEC ID Nº 260, SEC ID Nº 262, SEC ID Nº 282, SEC ID Nº 284 y la SEC ID Nº 286. El rendimiento del crecimiento puede supervisarse en un invernadero o en el campo. Etapas opcionales adicionales incluyen cruzamiento de plantas, en el que se identifica la variante alélica superior, con otra planta. Esto podría usarse, por ejemplo, para realizar una combinación de características fenotípicas interesantes.

Los ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos del factor de transcripción SPL15 también pueden usarse como una sonda para mapear, genética y físicamente, genes que forman parte de, y como marcadores para rasgos ligados a estos genes. Dicha información puede ser útil en reproducción de plantas para desarrollar líneas con fenotipos deseados. Dicho uso de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos del factor de transcripción SPL15 requiere solo una secuencia de ácido nucleico de al menos 15 nucleótidos de longitud. Los ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos del factor de transcripción SPL15 pueden usarse como marcadores de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (PLFR). Las transferencias Southern (Sambrook J, Fritsch EF y Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laborator y Manual) del ADN genómico de planta digerido con enzimas de restricción se pueden sondar con las secuencias de ácido nucleico del polipéptido del factor de transcripción SPL15. Los patrones de banda resultantes pueden después someterse a análisis genético usando programas informáticos tales como MapMaker (Lander y col., (1987) Genomics 1: 174–181) para construir un mapa genético. Además, el ácido nucleico puede usarse para sondar las transferencias de Southern que contienen ADN genómicos tratados con endonucleasas de restricción de un conjunto de individuos que representan a los padres y a la progenie de un cruce genético definido. La segregación de los polimorfismos de ADN se observa y se usa para calcular la posición del ácido nucleico codifica el polipéptido del factor de transcripción SPL15 en el mapa genético previamente obtenido usando esta población (Botstein y col., (1980) Am. J. Hum. Genet. 32: 314–331).

La producción y el uso de sondas derivadas de genes de plantas para su uso en mapeo genético se describen en Bernatzky y Tanksley (GENETICS 112 (4): 887–898, 1986). Numerosas publicaciones describen el mapeo genético de clones de ADNc específicos utilizando la metodología indicada anteriormente o variaciones de la misma. Por ejemplo, para el mapeo pueden utilizarse poblaciones de intercruzamiento F2, poblaciones de retrocruzamiento, poblaciones apareadas al azar, líneas isogénicas cercanas (LIC) y otros grupos de individuos. Dichas metodologías son bien conocidas por los expertos en la técnica.

Las sondas de ácido nucleico también pueden usarse para mapeo físico (es decir, colocación de secuencias en mapas físicos; véase Hoheisel y col., En: Non–mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319–346 y referencias citadas en la misma).

En otra realización, las sondas de ácido nucleico pueden usarse en la hibridación *in situ* con fluorescencia (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149–154). Aunque los procedimientos actuales de mapeo con FISH favorecen el uso

de clones grandes (de varios kb a varios cientos de kb; véase Laan y col., (1995) Genome Res. 5:13–20), mejoras en sensibilidad pueden permitir la realización de mapeo FISH usando sondas más cortas.

Usando los ácidos nucleicos pueden realizarse diversos procedimientos basados en amplificación de ácidos nucleicos para el mapeo genético y físico. Ejemplos incluyen amplificación específica de alelo (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11:95 - -96), polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield y col., (1993) Genomics 16:325 - -332), ligamiento específico de alelo (Landegren y col., (1988) Science 241:1077 - -1080), reacciones de extensión de nucleótidos (Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18:3671), Mapeo Híbrido por Radiación (Walter y col., (1997) Nat. Genet. 7:22 - -28) y Mapeo Happy (Dear y Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17:6795–6807). Para estos procedimientos, se utiliza la secuencia de un ácido nucleico para diseñar y producir pares de cebadores para su uso en la reacción de amplificación o en reacciones de extensión con cebador. El diseño de dichos cebadores es bien conocido por los expertos en la técnica. En los procedimientos que emplean mapeo genético basado en PCR puede ser necesario identificar diferencias de secuencias de ADN entre los padres del cruce del mapeo en la región correspondiente a la secuencia de ácido nucleico instantánea. Sin embargo, generalmente esto no es necesario para procedimientos de mapeo.

Los procedimientos de acuerdo con la presente invención dan como resultado plantas que tienen rendimiento de semillas y/o biomasa aérea aumentado como se ha descrito anteriormente en el presente documento. Estos rasgos también pueden combinarse con otros rasgos económicamente ventajosos, tales como rasgos de rendimiento aumentado, que, tolerancia a estrés abiótico y biótico, rasgos que modifican diversas características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

Descripción de las figuras

La presente invención se describirá ahora con referencia a las siguientes figuras en las que:

Fig. 1 árbol de unión de vecinos tras una alineación de secuencia múltiple de todos los polipéptidos del factor de transcripción de SPL de *Arabidopsis thaliana* y ortólogos del polipéptido del factor de transcripción de SPL15 usando CLUSTAL W (1.83) (en el GenomeNet service en la Kyoto University Bioinformatics Center), y parámetros predeterminados (Blosum 62 como matriz de ponderación, penalización por abertura de hueco de 10; penalización por extensión hueco de 0,05). Grupos polipéptidos factor de transcripción SPL15 de Arabidopsis thaliana con los otros ortólogos y parálogos de los polipéptidos factor de transcripción SPL15, como se muestra por el soporte rizado.

La **Fig. 2** muestra un alineamiento del dominio de unión al ADN (DBD) de ortólogos y parálogos del polipéptido del factor de transcripción SPL15. Las secuencias se alinearon utilizando el programa AlignX de Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). El alineamiento múltiple se llevó a cabo con una penalización de apertura de hueco de 10 y una extensión de hueco de 0,01. Los restos de Cys e His conservados involucrados en la unión de los iones de cinc están en recuadros. La señal de localización nuclear bipartita (NLS) está subrayada.

La **Fig. 3** es una alineación de los ortólogos y parálogos de polipéptidos del factor de transcripción SPL15. Las secuencias se alinearon utilizando el programa AlignX de Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). Se realizó alineación múltiple con una penalización por apertura de hueco de 10 y, una extensión de hueco de 0,01. También se realizó una edición manual menor cuando fue necesario para colocar mejor algunas regiones conservadas. Los tres principales dominios caracterizados, desde N-terminal a C-terminal, están recuadros y se identificaron como Motivo 1, el dominio de unión de ADN de SPL y Motivo 2. Además, el tramo rico en G / S que precede al DBP de SPL está marcado con Xs y el tripéptido W (S / T) L en el extremo C-terminal del polipéptido también en recuadros.

La **Fig. 4** muestra un vector binario pHMGB :: SPL15, para el aumento de la expresión en *Oryza sativa* de un ácido nucleico de *Arabidopsis thaliana* que codifica un polipéptido factor de transcripción SPL15 bajo el control de un promotor de HMGB.

La **Fig. 5** Detalla ejemplos de secuencias útiles en la realización de los procedimientos de acuerdo con la presente invención

Ejemplos

La presente invención se describirá ahora con referencia a los siguientes ejemplos, que son solo a modo ilustrativo. Los siguientes ejemplos no pretenden definir completamente o de otra manera limitar el ámbito de la invención.

Manipulación de ADN: a menos que se indique lo contrario, las técnicas de ADN recombinante se realizan de acuerdo con protocolos estándar descritos en (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) o en los Volúmenes 1 y 2 de Ausubel y col., (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Materiales y procedimientos estándar para el trabajo molecular en plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfase (1993) deR.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (Reino Unido) y Blackwell Scientific Publications (Reino Unido).

Ejemplo 1: Identificación de secuencias relacionadas con la secuencia de ácido nucleico usada en los procedimientos de la invención

Las secuencias (ADNc de longitud completa, EST o genómicas) relacionadas con la secuencia de ácido nucleico usadas en los procedimientos de la presente invención se identificaron entre las conservadas en la base de datos de nucleótidos Entrez en el National Center for Biotechnology Information (NCBI) utilizando las herramientas de búsqueda de secuencia de bases de datos, tal como la Herramienta de Alineamiento Local Básica (BLAST) (Altschul y col., (1990) J. Mol. Biol. 215:403–410; y Altschul y col., (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389–3402). El programa se utiliza para encontrar regiones de similitud local entre las secuencias comparando las secuencias de ácidos nucleicos o polipéptidos con las bases de datos de secuencia y calculando el significado estadístico de los emparejamientos. El polipéptido codificado por el ácido nucleico usado en la presente invención se usó para el algoritmo TBLASTN, con configuraciones predeterminadas y el filtro para ignorar la activación de secuencias de baja complejidad. El resultado de los análisis se observó por comparación apareadas y se clasificó de acuerdo con la puntuación de probabilidad (valor E), en el que la puntuación refleja la probabilidad de que se produzca un alineamiento particular por casualidad (cuanto menor sea el valor E, más significativa es la coincidencia). Además de valores E, también se puntuaron las comparaciones por porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad se refiere al número de nucleótidos (o aminoácidos) idénticos entre las dos secuencias de ácidos nucleicos (o polipéptido) comparadas sobre una longitud particular. En algunos casos, los parámetros por defecto se pueden ajustar para modificar la rigurosidad de la búsqueda.

La Tabla N a continuación proporciona una lista de secuencias de ácidos nucleicos relacionadas con la secuencia de ácido nucleico usada en los procedimientos de la presente invención.

Tabla N: secuencias de ácido nucleico relacionadas con la secuencia de ácido nucleico (SEC ID Nº 234) utilizada en los procedimientos de la presente invención, y los correspondientes polipéptidos deducidos

Nombre	**SEC ID Nº de ácido nucleico**	**SEC ID Nº del polipéptido**	**Longitud de secuencia**	**Número de acceso en NCBI**	**Organismo fuente**
Arath_SPL15 (At3g57920)	234	235	Longitud completa	NM_115654.1	*Arabidopsis thaliana*
Arath_SPL9 (At2g42200)	236	237	Longitud completa	AY150378	*Arabidopsis thaliana*
Aquf0_SPL	238	239	Longitud completa	Contiguo de DR915312 DR949057.1	*Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens*
Goshi_SPL	240	241	Longitud completa	DT566400	*Gossypium hirsutum*
Iponi_SPL	242	243	Longitud completa	Contiguo de BJ576204.1 BJ556115 BJ567301	*Ipomoea nil*
Lacsa_SPL	244	245	Longitud completa	Contiguo de DY966949 DW119178	*Lactuca sativa*
Maldo_SPL	246	247	Longitud completa	Contiguo de CN891102.1 CO868185.1 CV523507	*Malus domestica*
Medtr_SPL	248	249	Longitud completa	de corte y empalme de AC170989.2	*Medicago truncatula*
Nicbe_SPL	250	251	Longitud completa	Contiguo de CK284078.1 CK294165	*Nicotiana bentamiana*
Orysa_SPL	252	253	Longitud completa	XM_483285	*Oryza sativa*
Orysa_SPL II	254	255	Longitud completa	de corte y empalme de AC108762	*Oryza sativa*
Soltu_SPL	256	257	Longitud completa	contiguo de CK246692.1	*Solanum tuberosum*

Nombre	SEC ID Nº de ácido nucleico	SEC ID Nº del polipéptido	Longitud de secuencia	Número de acceso en NCBI	Organismo fuente
				CK254420.1	
Vitvi_SPL	258	259	Longitud completa	contiguo de CV098277 CV092812.1	*Vitis vinifera*
Zeama_SPL	260	261	Longitud completa	contiguo de EB160653 DY235599 DV029129	*Zea mays*
Zeama_SPL II	262	263	Longitud completa	contiguo de AJ011619 DV033513.1 DY532686.1	*Zea mays*
Sorpr_SPL	264	265	Parcial	BF422188	*Sorghum propinquium*
Allce_SPL	266	267	Parcial	CF444518.1	*Allium cepa*
Antma_SPL	268	269	Parcial	AMA011623	*Antirrhinum majus*
Brana_SPL	270	271	Parcial	CX189447	*Brassica napus*
Sacof_SPL	272	273	Parcial	contiguo de CA113070 CA254724	*Saccharum officinarum*
Fesar_SPL	274	275	Parcial	DT706587.1	*Festuca arundinacea*
Brara_SPL	282	283	Longitud completa	AC189445.1	Brassica rapa
Glyma_SPL	284	285	Longitud completa	CX708501.1 BG651519.1	Glycine max
Poptr_SPL	286	287	Longitud completa	scaff_XVI.416	Populus tremuloides
Citcl_SPL	288	289	Parcial	DY293795	Citrus clementina
Betvu_SPL	290	291	Parcial	BQ594361.1	Beta vulgaris
Hevbr_SPL	292	293	Parcial	EC604947	Hevea brasiliensis

Ejemplo 2: Determinación de la similitud y la identidad global entre los factores de transcripción SPL15 y su DBP de SPL

Los porcentajes de similitud e identidad globales entre los factores de transcripción SPL15 se determinaron usando uno de los procedimientos disponibles en la técnica, el programa informático MatGAT (Matrix Global Alignment Tool) (BMC Bioinformatics. 2003 4:29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; software de Ledion Bitincka). El software MatGAT genera matrices de similitud / identidad de secuencias de ADN o de proteína sin necesidad de pre-alineación de los datos. El programa realiza una serie de alineaciones apareadas utilizando el algoritmo de alineación global de Myers y Miller (con una penalización por apertura de hueco de 12, y una penalización de extensión de hueco de 2), calcula la similitud y la identidad utilizando, por ejemplo Blosum 62 (para los polipéptidos), y luego coloca los resultados en una matriz de distancia. La similitud de secuencia se muestra en la mitad inferior de la línea divisoria y la identidad de secuencia se muestra en la mitad superior de la línea divisoria diagonal. La secuencia de la SEC ID Nº: 235 se indica como el número 5 en la matriz.

Los parámetros utilizados en la comparación fueron:

Matriz de puntuación: Blosum62

Primer hueco: 12

Extensión de hueco: 2

Los resultados del análisis Informático se muestran en la Tabla O para la similitud e Identidad globales sobre la longitud completa de los polipéptidos del factor de transcripción SPL15. El porcentaje de identidad se proporciona encima de la diagonal y el porcentaje de similitud se proporciona por debajo de la diagonal. El porcentaje de identidad los parálogos y ortólogos del factor de transcripción SPL15 varía entre 30 y 70 %, reflejando la conservación de identidad de secuencia relativamente baja entre ellos fuera del DBD del SPL.

Tabla O: Resultados de MatGAT para similitud e identidad globales en toda la longitud de los polipéptidos del factor de transcripción SPL15.

Similitud e identidad globales en toda la longitud de los polipéptidos del factor de transcripción SPL15	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1. Arath_SPL9		51,1	44,8	40,3	38,4	44	43,1	40,3	34,6	35,9	39,4	46,7	33,9	35,7
2. Arath_SPL15	63,2		39,4	39	33,7	40,1	40,3	35,1	31,3	33,7	36,5	39,6	30,5	31,9
3. Goshi_SPL	58,9	53,2		47,3	43	54,4	46,9	52	41,3	40,2	50,1	59,8	39,5	39,1
4. Iponi_SPL	53,3	55,9	61,7		43,9	50,9	46,8	56,1	33,6	37,2	56,7	53,5	36,3	38,7
5. Lacsa_SPL	52	49,4	53,2	61,3		45,8	43,5	46,4	37	38,3	47,9	48,1	37,6	39,9
6. Maldo_SPL	59,3	54,5	64,3	63,5	56,3		49,5	57,4	42	38,1	55,2	68,7	38,9	40,6
7. Medtr_SPL	55,2	57,6	60,4	64,5	58,4	65,1		46,7	37,3	39,2	46,3	55,4	37,6	39,7
8. Nicbe_SPL	58,2	51,6	63,8	66,8	56,8	70,8	62,9		36,9	40	66,6	62,1	38,2	37,5
9. Orysa_SPL	48,7	42,2	54,2	47	47,2	53,2	49,2	51,8		62,4	37,3	40,7	59,5	54,9
10. Orysa_SPL II	49,9	45,8	53,4	49,1	48,9	51,1	53,4	53,2	72,2		37,6	43,6	54,3	62,9
11. Soltu_SPL	57,3	54	64	68,5	59,4	69,6	62,9	77,6	51,8	50,4		60,7	36,9	37,9
12. Vitvi_SPL	62,8	54,9	69,2	66	59,4	80,2	67,5	73,4	53,5	56,5	73,6		42,2	40,8
13. Zeama_SPL	47,3	43,3	55,2	48,8	49,3	52	51,2	52,5	68,3	67,9	49,8	54		54,9
14. Zeama_SPL II	49,2	43,1	53,2	51,6	50,8	54,5	53,2	48,7	64,3	71,2	51,1	54,6	66,2	

Los resultados del análisis Informático se muestran en la Tabla P para la **similitud e Identidad globales sobre el DBD del SPL** de los **polipéptidos** del factor de transcripción SPL15. El porcentaje de identidad se proporciona encima de la diagonal y el porcentaje de similitud se proporciona por debajo de la diagonal. El porcentaje de identidad entre los parálogos y ortólogos del DBD de SPL del factor de transcripción de SPL15 oscila entre el 70 % y el 100 %.

Tabla P: Resultados de MatGAT para similitud e identidad globales sobre el DBD del SPL de los polipéptidos del factor de transcripción SPL15.

Similitud e identidad globales en el DBD de SPL de los polipéptidos del factor de transcripción SPL15	**1**	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**	**9**	**10**	**11**	**12**	**13**	**14**
1. SPL\DBD\Aqufo_SPL		**75,6**	**79,5**	**84,8**	**85,9**	**87,2**	**85,9**	**88,5**	**84,6**	**80,8**	**78,2**	**85,9**	**91**	**76,9**
2. SPL\DBD\Arath_SPL15	82,1		**78,2**	**83,5**	**82,1**	**78,2**	**76,9**	**78,2**	**79,5**	**71,8**	**74,4**	**79,5**	**79,5**	**71,8**
3. SPL\DBD\Arath_SPL9	87,2	85,9		**77,2**	**78,2**	**82,1**	**82,1**	**79,5**	**78,2**	**76,9**	**78,2**	**79,5**	**80,8**	**76,9**
4. SPL\DBD\Goshi_SPL	88,6	91,1	86,1		86,1	**84,8**	**84,8**	**84,8**	**84,8**	**78,5**	**78,5**	**86,1**	**89,9**	**78,5**
5. SPL\DBD\Iponi_SPL	89,7	85,9	87,2	91,1		**84,6**	**84,6**	**85,9**	**85,9**	**80,8**	**79,5**	**87,2**	**89,7**	**78,2**
6. SPL\DBD\Lacsa_SPL	89,7	85,9	88,5	91,1	91		**88,5**	**84,6**	**85,9**	**80,8**	**79,5**	**85,9**	**89,7**	**78,2**
7. SPL\DBD\Maldo_SPL	92,3	82,1	88,5	89,9	91	91		**84,6**	**89,7**	**85,9**	**83,3**	**88,5**	**91**	**80,8**
8. SPL\DBD\Medtr_SPL	89,7	85,9	89,7	92,4	92,3	91	93,6		**84,6**	**79,5**	**78,2**	**88,5**	**93,6**	**78,2**
9. SPL\DBD\Nicbe_SPL	87,2	83,3	85,9	88,6	92,3	89,7	91	92,3		**84,6**	**82,1**	**88,5**	**89,7**	**80,8**
10. SPL\DBD\Orysa_SPL	87,2	80,8	84,6	84,8	88,5	85,9	89,7	85,9	89,7		**85,9**	**84,6**	**83,3**	**83,3**
11. SPL\DBD\Orysa_SPL II	84,6	82,1	87,2	83,5	85,9	84,6	88,5	85,9	88,5	92,3		**82,1**	**82,1**	**84,6**
12. SPL\DBD\Soltu_SPL	89,7	87,2	87,2	91,1	94,9	89,7	93,6	93,6	92,3	87,2	84,6		**93,6**	**80,8**
13. SPL\DBD\Vitvi_SPL	92,3	87,2	89,7	93,7	94,9	92,3	96,2	97,4	92,3	87,2	87,2	96,2		**82,1**
14. SPL\DBD\Zeama_SPL II	83,3	79,5	84,6	83,5	84,6	83,3	84,6	87,2	84,6	88,5	89,7	83,3	85,9	

Ejemplo 3: Clonación de la secuencia de ácido nucleico usada en los procedimientos de la invención

Manipulación de ADN: a menos que se indique lo contrario, las técnicas de ADN recombinante se realizan de acuerdo con protocolos estándar descritos en (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) o en los Volúmenes 1 y 2 de Ausubel y col., (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Materiales y procedimientos estándar para el trabajo molecular en plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfase (1993) deR.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (Reino Unido) y Blackwell Scientific Publications (Reino Unido).

La secuencia de ácido nucleico usada en los procedimientos de la invención se amplificó por PCR usando como molde una biblioteca de ADNc de plántulas de *Arabidopsis thaliana* hecha a medida (en pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, RU). La PCR se realizó usando la Taq ADN polimerasa Hifi en condiciones estándar, usando 200 ng de molde en una mezcla PCR de 50 pl. Los cebadores utilizados fueron prm07277 (SEC ID Nº: 280; sentido, codón de iniciación en negrita, sitio AttB1 en minúsculas: 5'–*ggggacaagtttgtacaaaaaagcaggcttaaaca***ATG**GAGTTGTTAATGTGTTCG 3') y prm07278 (SEC ID Nº: 281; inverso, complementario, sitio AttB2 en minúsculas: 5' *ggggaccactttgtacaagaaagctgggt*TGATGAAGATCTTAAAAGGTGA 3'), que incluyen los sitios AttB para recombinación Gateway. El fragmento de PCR amplificado se purificó también usando procedimientos convencionales. Después, se realizó la primera etapa del procedimiento Gateway, la reacción BP, durante la cual el fragmento de PCR se recombina *in vivo* con el plásmido pDONR201 para producir, de acuerdo con la terminología Gateway, un “clon de entrada”, pSPL15. El plásmido pDONR201 se adquirió en Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.

Ejemplo 4: Construcción del vector de expresión

El clon de entrada p13075 se usó posteriormente en una reacción LR con p06659, un vector destinatario utilizado para la transformación de *Oryza sativa*. Este vector contiene como elementos funcionales dentro de los límites de ADN-T: un marcador de selección de plantas; un casete de expresión marcador detectable; y un casete Gateway diseñado para recombinación LR *in vivo* con la secuencia de ácido nucleico de interés ya clonada en el clon de entrada. Un promotor HMGB de arroz (SEC ID Nº 294) para la expresión específica se localizó cadena arriba de este casete Gateway. Una construcción similar se fabricó con la secuencia de codificación de *SPL15* bajo el control del promotor GOS2 constitutivo (SEC ID Nº: 295).

Después de la etapa de recombinación LR, los vectores de expresión resultantes pHMGB::SPL15 (Figura 4), o pGOS2::SPL15, (Figura 5) se transformaron en la cepa LBA4044 de *Agrobacterium* y posteriormente en las plantas de *Oryza sativa*.

Ejemplo 5: Transformación de plantas

Transformación de arroz

El *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión se usó para transformar plantas de *Oryza sativa*. Semillas secas maduras de la variedad de cultivo japonesa de arroz Nipponbare se descascarillaron. La esterilización se realizó incubando durante un minuto en etanol al 70 %, seguido de 30 minutos en $HgCl_2$ al 0,2 %, seguido de un lavado de 6 veces durante 15 minutos con agua destilada estéril. Las semillas estériles germinaron después en un medio que contenía 2,4–D (medio de inducción de callo). Después de la incubación en la oscuridad durante cuatro semanas, los callos embriogénicos derivados de escutelo se cortaron y se propagaron en el mismo medio. Después de dos semanas, los callos se multiplicaron o se propagaron mediante subcultivo en el mismo medio durante otras 2 semanas. Piezas de callos embriogénico se subcultivaron en medio reciente 3 días antes de cocultivo (para reforzar la actividad de la división celular).

La cepa LBA4404 de *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión se utilizó para el cocultivo. Se inoculó *Agrobacterium* en medio AB con los antibióticos apropiados y se cultivó durante 3 días a 28 ºC. Después las bacterias se recogieron y se suspendieron en medio de cocultivo líquido a una densidad (DO600) de aproximadamente 1. Después, la suspensión se transfirió a una placa de Petri y los callos se sumergieron en la suspensión durante 15 minutos. A continuación, los tejidos de callo se secaron por transferencia a un papel de filtro y se transfirieron a medio de cocultivo solidificado y se incubaron durante 3 días en la oscuridad a 25 ºC. Los callos cocultivados crecieron sobre un medio que contenía 2,4–D durante 4 semanas en la oscuridad a 28 ºC en presencia de un agente de selección. Durante este periodo, rápidamente se desarrollaron islas de callos resistentes a crecimiento. Después de la transferencia de este material a un medio de regeneración e incubación a la luz, el potencial embriogénico se liberó y se desarrollaron brotes las siguientes cuatro a cinco semanas. Los brotes se extirparon de los callos y se incubaron durante 2 a 3 semanas en un medio que contenía auxina desde el cual se transfirieron al suelo. Los brotes endurecidos se cultivaron a alta humedad y días cortos en un invernadero.

Se generaron aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes para una construcción. Los transformantes primarios se transfirieron desde una cámara de cultivo tisular a un invernadero. Después de un análisis PCR cuantitativo para verificar el número de copias del inserto de ADN-T, solo una única copia de plantas transgénicas que presentaban tolerancia al agente de selección se mantuvieron para cosecha de la semilla T1.

Después las semillas se cosecharon de tres a cinco meses después del trasplante. El procedimiento produjo transformantes de sitio único a una tasa de alrededor de 50 % (Aldemita and Hodges1996, Chan y col., 1993, Hiei y col., 1994).

Transformación de maíz

La transformación de maíz (*Zea mays)* se realizó con una modificación del procedimiento descrito por Ishida y col., (1996) Nature Biotech 14(6): 745–50. La transformación es dependiente del genotipo en maíz y solo son genotipos específicos susceptibles a transformación y regeneración. Como progenitores, la línea endogámica A188 (Universidad de Minnesota) o híbridos con A188, son buenas fuentes de material donante para la transformación, pero también pueden usarse otros genotipos satisfactoriamente. Se cosecharon espigas de plantas de maíz aproximadamente 11 días después de la polinización (DDP) cuando la longitud del embrión inmaduro era de aproximadamente 1 a 1, 2 mm. Los embriones inmaduros se co-cultivaron con Agrobacterium tumefaciens que contenía el vector de expresión y las plantas transgénicas se recuperaron a través organogénesis. Los embriones cortados se cultivaron en medio de inducción de callo y después en medio de regeneración de maíz que contenía el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, pero pueden usarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incubaron a la luz a 25 ºC durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollasen los brotes. Los brotes verdes se transfirieron desde cada embrión al medio de enraizamiento de maíz y se incubaron a 25 ºC durante 2-3 semanas, hasta el desarrollo de las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de trigo

La transformación de trigo se realizó con el procedimiento descrito por Ishida y col., (1996) Nature Biotech 14(6): 745–50. La variedad de cultivo Bobwhite (disponible de CIMMYT, México) se utiliza normalmente para transformación. Embriones inmaduros se co-cultivaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión y las plantas transgénicas se recuperaron a través de organogénesis. Después de la incubación con *Agrobacterium*, los embriones cortados se cultivan *in vitro* en medio de inducción de callo y después en medio de regeneración que contenía el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, pero pueden usarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incubaron a la luz a 25 ºC durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollasen los brotes. Los brotes verdes se transfirieron desde cada embrión al medio de enraizamiento y se incubaron a 25 ºC durante 2-3 semanas, hasta el desarrollo de las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de soja

La transformación de soja se realiza de acuerdo con una modificación del procedimiento descrito en el Texas A&M patente de Estados Unidos 5.164.310. Diversas variedades comerciales de soja son susceptibles a transformación mediante este procedimiento La variedad de cultivo Jack (disponible de la fundación Illinois Seed) se utiliza normalmente para transformación. Las semillas de soja se esterilizan para siembra in vitro. El hipocotilo, el radículo y un cotiledón se extirpan de plántulas jóvenes de siete días de vida. El epicótilo y el cotiledón restante se cultivan adicionalmente para desarrollar nodos axilares. Estos nodos axilares se extirpan y se incuban con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión. Después de tratamiento de co-cultivo, los explantes se lavan y se transfieren al medio de selección. Los brotes regenerados se extirpan y se colocan en un medio de elongación de brote. Los brotes no mayores de 1 cm se colocaron se colocan en medio de enraizamiento hasta que se desarrollaron raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación colza/canola

Peciolos cotiledonarios e hipocótilos de plántulas jóvenes de 5–6 días de vida se utilizan como explantes para el cultivo tisular y se transforman de acuerdo con Babic y col., (1998, Plant Cell Rep 17: 183–188). La variedad de cultivo comercial Westar (Agriculture Canada) es la variedad convencional usada para la transformación, pero también pueden usarse otras variedades. Las semillas de canola se esterilizan en la superficie para la siembra in vitro. Explantes de peciolos cotiledonarios con el cotiledón unido se extirpan de plántulas in vitro y se inoculan con Agrobacterium (que contenía el vector de expresión) sumergiendo el extremo cortado del explante del peciolo en la suspensión bacteriana. Después los explantes se cultivan durante 2 días en medio MSBAP-3 que contenía BAP 3 mg/l, sacarosa al 3 %, Fitagar al 0,7 % a 23 ºC, 16 h de luz. Después de dos días de co-cultivo con *Agrobacterium,* los explantes de peciolo se transfieren a medio MSBAP-3 que contenía BAP 3 mg/l, cefotaxima, carbenicilina o timentina (300 mg/l) durante 7 días y después se cultivan en medio MSBAP-3 con cefotaxima, carbenicilina o timentina y agente de selección hasta la regeneración del brote. Cuando los brotes tenían una longitud de 5 – 10 mm, se cortaron y se transfirieron al medio de elongación de brote (MSBAP-0,5 que contenía BAP 0,5 mg/l). Los brotes de aproximadamente 2 cm de longitud se transfieren al medio de enraizamiento (MS0) para la inducción de raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de alfalfa

Un clon de regeneración de alfalfa (*Medicago sativa*) se transforma utilizando el procedimiento de (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119:) 839–847). La regeneración y transformación de la alfalfa es dependiente del genotipo y por lo tanto se requiere una planta regenerada. Se han descrito procedimientos para obtener plantas regeneradas. Por ejemplo, éstas pueden seleccionarse de variedades de cultivo Rangelander (Agriculture Canada) o de cualquier otra variedad comercial de alfalfa como describen Brown DCW y A Atanassov (1985. Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111–112). Como alternativa, la variedad RA3 (Universidad de Wisconsin) se ha seleccionado para su uso en cultivo tisular (Walker y col., 1978 Am J Bot 65:654–659). Explantes de peciolo se co-cultivan con un cultivo durante una noche de *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie y col., 1999 839–847) o LBA4404 que contiene el vector de expresión. Los explantes se co-cultivan durante 3 días en la oscuridad en un medio de inducción SH que contenía Pro 288 mg/l, tioprolina 53 mg/l, K2SO4 4, 35 g/l y 100 µm de acetositinginona. Los explantes se lavan en medio Murashige-Skoog de fuerza media (Murashige y Skoog, 1962) y se siembran en placas en el mismo medio de inducción SH con acetosiringinona pero con un agente de selección adecuado y un antibiótico adecuado para inhibir el crecimiento de *Agrobacterium.* Después de varias semanas, los embriones somáticos se transfirieron al medio de desarrollo BOi2Y que no contenía reguladores de crecimiento, sin antibióticos, y sacarosa 50 g/l. Posteriormente, los embriones somáticos germinaron en medio Murashige-Skoog de fuerza media. Las plántulas enraizadas se trasplantaron en macetas y se cultivaron en un invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Ejemplo 6: Procedimiento de evaluación

6.1 Configuración de Evaluación

Se generaron aproximadamente 35 transformantes independientes de arroz T0. Los transformantes primarios se transfirieron de una cámara de cultivo de tejido a un invernadero para el cultivo y la cosecha de las semillas T1. Siete eventos, de los cuales la progenie T1 segrega 3: 1 para la presencia / ausencia del transgen, se retuvieron. Para cada uno de estos eventos, aproximadamente 10 plántulas T1 que contienen el transgén (hetero y homocigotos) y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecen del transgén (nulicigotos) fueron seleccionados mediante el control de la expresión del marcador visual. Las plantas transgénicas y los nulicigotos correspondientes se hicieron crecer lado a lado en posiciones aleatorias. Condiciones de invernadero fueron días cortos (12 horas de luz), 28 °C en la luz y 22 °C en la oscuridad, y una humedad relativa de 70 %.

Cinco eventos T1 se evaluaron después en la generación T2 siguiendo el mismo procedimiento de evaluación como para la generación T1 pero con más Individuos por acontecimiento. Desde la etapa de siembra hasta la etapa de madurez se pasaron las plantas varias veces a través de un gabinete de imágenes digitales. En cada punto de tiempo, se tomaron imágenes digitales (2048x1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta desde por lo menos 6 ángulos diferentes.

El vigor inicial es el área sobre el suelo de la planta (plántulas) tres semanas después de la germinación. El aumento de la biomasa de la raíz se expresa como un incremento en la biomasa total de las raíces (medida como máximo biomasa de raíces observadas durante la vida útil de una planta); o como un aumento en el índice de la raíz / tallo (medido como la relación entre la masa de raíces y disparar masa en el período de crecimiento activo de la raíz y brote).

6.2 Análisis estadístico: Prueba F

Un ANOVA de dos factores (análisis de variantes) se utilizó como un modelo estadístico para la evaluación global de las características fenotípicas de la planta. Se llevó a cabo una prueba F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los eventos transformados con el gen de la presente invención. La prueba F se llevó a cabo para comprobar si el efecto del gen sobre todos los eventos de transformación y para verificar un efecto general del gen, también conocido como un efecto de gen global. El umbral de significación para un verdadero efecto génico global se fijó en un nivel de probabilidad del 5 % para la prueba F. Un valor significativo de la prueba F apunta a un efecto génico, lo que significa que no es sólo la mera presencia o la posición del gen que causa las diferencias en el fenotipo.

Para comprobar si hay un efecto de los genes dentro de un acontecimiento, es decir, para un efecto específico de línea, se realizó una prueba t dentro de cada acontecimiento utilizando conjuntos de datos de las plantas transgénicas y las correspondientes plantas nulas. "Plantas nulas" o "segregantes nulos" o "nulicigotos" son las plantas tratadas de la misma forma que la planta transgénica, pero de la que el transgén ha segregado. Las plantas nulas también se pueden describir como las plantas transformadas negativas homocigotas. El umbral de significación para la prueba t se establece en nivel de probabilidad del 10 %. Los resultados para algunos acontecimientos pueden estar por encima o por debajo de este umbral. Esto se basa en la hipótesis de que un gen solamente podría tener un efecto en ciertas posiciones en el genoma y que la aparición de este efecto dependiente de la posición no es infrecuente. Este tipo de efecto génico también se denomina en el presente documento un "efecto de línea del gen". El valor p se obtiene comparando el valor t de la distribución t o, como alternativa, mediante la comparación del valor F con la distribución F. El valor p da después la probabilidad de que la hipótesis

nula (es decir, que no hay ningún efecto del transgén) sea correcta.

Ejemplo 7: Resultados de la evaluación

El área por encima del suelo de la planta (o biomasa foliar) se determinó contando el número total de píxeles en las imágenes digitales de partes de la planta sobre el suelo discriminadas desde el fondo. Este valor se promedió para las fotografías tomadas en el mismo punto de tiempo desde los diferentes ángulos y se convierte en un valor superficie física expresada en mm cuadrados por calibración. Los experimentos muestran que el área de la planta por encima del suelo medida de esta manera se correlaciona con la biomasa de las partes de la planta por encima del suelo. El área por encima del suelo es el punto de tiempo en el que la planta había alcanzado su máxima biomasa foliar.

Las panículas primarias maduras se cosecharon, contaron, embolsaron, marcaron con código de barras y después se secaron durante tres días en un horno a 37 °C. Las panículas se trillaron y todas las semillas se recogieron y se contaron. Las cáscaras llenas se separan de las vacías utilizando un dispositivo de soplado de aire. Las cáscaras vacías se desecharon y la fracción restante se contó de nuevo. Las vainas llenas se pesaron en una balanza analítica. El número de semillas llenas se determinó contando el número de vainas llenas que quedaron después de la etapa de separación. El rendimiento total de semillas se midió pesando todas las vainas llenas cosechadas de una planta. Número total de semillas por planta se midió contando el número de cáscaras cosechadas de una planta. El peso de mil granos (PMG) se extrapola a partir del número de semillas llenas contadas y su peso total. El índice de recolección (IR) en la presente invención es la relación entre el rendimiento de semilla total y el área por encima del suelo (mm^2), multiplicado por un factor de 106. El número total de flores por panícula es la relación entre el número total de semillas y el número de maduro panículas primarias. La tasa de llenado de semillas, como se define en la presente invención, es la proporción (expresado en %) del número de semillas llenas sobre el número total de semillas (o floretes).

Tal como se presenta en las tablas Q a W, la biomasa aérea, el número de flores por panícula, el rendimiento de semillas, el número total de semillas, el número de semillas llenas, el peso de mil granos (PMG) y el índice de recolección incrementan en las plantas transgénicas con una mayor expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15, en comparación con las plantas de control adecuadas. Se muestran los resultados del las generaciones T1 y T2.

La Tabla Q muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en la biomasa aérea, el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla Q: Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en la biomasa aérea, el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

Biomasa aérea			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor P de la prueba F**
Generación T1	5 de 7	5	0,0773
Generación T2	4 de 5	7	0,0172

La Tabla R muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el número total de flores por panícula, el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla R: Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en las flores por panícula, el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

Flores por panícula			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor P de la prueba F**
Generación T1	6 de 7	4	0,0447
Generación T2	4 de 5	10	0,0013

La Tabla S muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el rendimiento de semilla total

(peso total de la semilla), el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla S: Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el rendimiento de semillas, el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

Rendimiento de semillas			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor p de la prueba F**
Generación T1	7 de 7	15	0,0019
Generación T2	5 de 5	21	0,0001

La Tabla T muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el número total de semillas, el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla T: Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el número total de semillas, el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

Número total de semillas			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor p de la prueba F**
Generación T1	6 de 7	6	0,07
Generación T2	4 de 5	13	0,0023

La Tabla U muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el número de semillas llenas, el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla U: Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el número total de semillas llenas, el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

Número de semillas llenas			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor p de la prueba F**
Generación T1	6 de 7	14	0,0031
Generación T2	4 de 5	19	0,0003

La Tabla V muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el índice de recolección, el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla V Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el índice de recolección, el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

índice de recolección			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor p de la prueba F**
Generación T1	7 de 7	12	0,0003
Generación T2	4 de 5	15	0,0001

La Tabla W muestra el número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el peso de mil granos (PMG), el porcentaje de este aumento, así como la relevancia estadística de este incremento de acuerdo con la prueba F.

Tabla W: Número de acontecimientos transgénicos con un aumento en el peso de mil granos (PMG), el porcentaje de aumento, y el valor P de la prueba F en la generación T1 y T2 de arroz transgénico con aumento de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción SPL15.

Peso de mil granos			
	Número de acontecimientos que muestran un aumento	**% de diferencia**	**Valor p de la prueba F**
Generación T1	4 de 7	2	0,0041
Generación T2	4 de 5	1	0,0259

Ejemplo 8: Resultados de la evaluación fenotípica de las plantas transgénicas que expresan la SEC ID Nº 234 bajo el control de un promotor constitutivo

Los resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas que expresan la secuencia de ácido nucleico útil en la realización de los procedimientos de la invención bajo el control del promotor GOS2 constitutivo se presentan en la Tabla x. También se muestra la diferencia porcentual entre los transgénicos y los nulicigotos correspondientes.

Las plantas transgénicas que expresan la secuencia de ácido nucleico útil en la realización de los procedimientos de la invención tienen un mayor vigor inicial y un mayor PMG en comparación con las plantas control (en este caso, las nulicigotas).

Tabla X: Resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas de generación T1 que expresan la secuencia de ácido nucleico útil en la realización de los procedimientos de la invención, bajo el control de un promotor GOS2 constitutivo fuerte

Rasgo	**% de incremento de los mejores acontecimientos en la generación T1**
Aumento de vigor inicial	17 %
Rendimiento de semillas totales (por planta)	18 %
Número total de semillas llenas	19 %
Aumento del índice de llenado de las semillas	10 %
Aumento del índice de recolección	15 %

Listado de secuencias

<110> CropDesign N.V.

<120> Plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y un procedimiento de producción de las mismas

<130> PF58328

<160> 61

<170> PatentIn versión 3.3

<210> 234
<211> 1065
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 234

```
atggagttgt taatgtgttc gggtcaggcc gagtcaggtg gttcctcttc caccgagtct     60
tcttcactca gtggtggact caggtttggt cagaagatct acttcgagga tggatccgga    120
tccagaagca agaaccgggt caataccgtt cgtaagtcgt ctaccacggc gaggtgccaa    180
gtggaaggtt gtagaatgga tctaagcaat gttaaagctt attactcgag acacaaagtt    240
tgttgcattc actctaaatc atctaaagtc attgtctctg gtcttcatca aaggttttgt    300
caacaatgta gcaggtttca ccagctttct gagtttgact tggagaaaag aagttgtcgc    360
agaagactcg cttgtcataa cgaacgacga agaaaaccac aacccacaac ggctcttttc    420
acttctcatt actctcgaat cgctccatct ctttacggaa accccaatgc tgcaatgatt    480
aaaagcgttt tgggagatcc tactgcgtgg tcaaccgcaa gatcagtgat gcagcggcct    540
ggaccgtggc agattaatcc agttagggaa acccatccac acatgaatgt tttatcacat    600
ggaagctcaa gctttactac atgtccagag atgataaaca acaatagcac agattcaagc    660
tgtgctctct ctcttctgtc aaactcatac ccaattcatc agcagcaact tcagacacca    720
acaaatacat ggcgaccatc ttctggtttc gactcgatga tctcattctc cgataaggtt    780
acaatggctc agccaccgcc catttcaacc catcagccgc ccatctcaac acatcagcag    840
tacctcagcc aaacttggga agtcatcgcg ggcgaaaaga gcaattcaca ttatatgtct    900
cctgtgagtc aaatctcgga gccagcagat ttccagataa gcaatggcac cacaatgggt    960
ggatttgagc tgtatcttca tcagcaggtt ctgaagcaat acatggaacc cgagaacaca   1020
agagcttatg actcctctcc tcaacatttc aattggtctc tttga                   1065
```

<210> 235
<211> 354
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 235

```
Met Glu Leu Leu Met Cys Ser Gly Gln Ala Glu Ser Gly Gly Ser Ser
```

1 5 10 15

Ser Thr Glu Ser Ser Ser Leu Ser Gly Gly Leu Arg Phe Gly Gln Lys
20 25 30

Ile Tyr Phe Glu Asp Gly Ser Gly Ser Arg Ser Lys Asn Arg Val Asn
35 40 45

Thr Val Arg Lys Ser Ser Thr Thr Ala Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys
50 55 60

Arg Met Asp Leu Ser Asn Val Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val
65 70 75 80

Cys Cys Ile His Ser Lys Ser Ser Lys Val Ile Val Ser Gly Leu His
85 90 95

Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Ser Glu Phe
100 105 110

Asp Leu Glu Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Cys His Asn Glu
115 120 125

Arg Arg Arg Lys Pro Gln Pro Thr Thr Ala Leu Phe Thr Ser His Tyr
130 135 140

Ser Arg Ile Ala Pro Ser Leu Tyr Gly Asn Pro Asn Ala Ala Met Ile
145 150 155 160

Lys Ser Val Leu Gly Asp Pro Thr Ala Trp Ser Thr Ala Arg Ser Val
165 170 175

Met Gln Arg Pro Gly Pro Trp Gln Ile Asn Pro Val Arg Glu Thr His
180 185 190

Pro His Met Asn Val Leu Ser His Gly Ser Ser Ser Phe Thr Thr Cys
195 200 205

Pro Glu Met Ile Asn Asn Asn Ser Thr Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser
210 215 220

Leu Leu Ser Asn Ser Tyr Pro Ile His Gln Gln Gln Leu Gln Thr Pro
225 230 235 240

Thr Asn Thr Trp Arg Pro Ser Ser Gly Phe Asp Ser Met Ile Ser Phe
245 250 255

Ser Asp Lys Val Thr Met Ala Gln Pro Pro Pro Ile Ser Thr His Gln
260 265 270

Pro Pro Ile Ser Thr His Gln Gln Tyr Leu Ser Gln Thr Trp Glu Val
275 280 285

Ile Ala Gly Glu Lys Ser Asn Ser His Tyr Met Ser Pro Val Ser Gln
290 295 300

Ile Ser Glu Pro Ala Asp Phe Gln Ile Ser Asn Gly Thr Thr Met Gly
305 310 315 320

Gly Phe Glu Leu Tyr Leu His Gln Gln Val Leu Lys Gln Tyr Met Glu
325 330 335

Pro Glu Asn Thr Arg Ala Tyr Asp Ser Ser Pro Gln His Phe Asn Trp
340 345 350

Ser Leu

<210> 236
<211> 1128
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 236

atggagatgg gttccaactc gggtccgggt catggtccgg gtcaggcaga gtcgggtggt 60
tcctccactg agtcatcctc tttcagtgga gggctcatgt ttggccagaa gatctacttc 120
gaggacggtg gtggtggatc cgggtcttct tcctcaggtg gtcgttcaaa cagacgtgtc 180
cgtggaggcg ggtcgggtca gtcgggtcag ataccaaggt gccaagtgga aggttgtggg 240
atggatctaa ccaatgcaaa aggttattac tcgagacacc gagtttgtgg agtgcactct 300
aaaacaccta aagtcactgt ggctggtatc gaacagaggt tttgtcaaca gtgcagcagg 360
tttcatcagc ttccggaatt tgacctagag aaaaggagtt gccgcaggag actcgctggt 420
cataatgagc gacgaaggaa gccacagcct gcgtctctct ctgtgttagc ttctcgttac 480
gggaggatcg caccttcgct ttacgaaaat ggtgatgctg gaatgaatgg aagctttctt 540
gggaaccaag agataggatg gccaagttca agaacattgg atacaagagt gatgaggcgg 600
ccagtgtcgt caccgtcatg gcagatcaat ccaatgaatg tatttagtca aggttcagtt 660
ggtggaggag ggacaagctt ctcatctcca gagattatgg acactaaact agagagctac 720
aagggaattg gcgactcaaa ctgtgctctc tctcttctgt caaatccaca tcaaccacat 780
gacaacaaca acaacaacaa caacaacaac aacaacaaca acaatacatg gcgagcttct 840
tcaggttttg gcccgatgac ggttacaatg gctcaaccac cacctgcacc tagccagcat 900
cagtatctga acccgccttg ggtattcaag gacaatgata atgatatgtc tcctgttttg 960
aatttaggtc gatacaccga gccagataat tgtcagataa gtagtggcac ggcaatgggt 1020
gagttcgagt tatctgatca ccatcatcaa agtaggagac agtacatgga agatgagaac 1080
acaagggctt atgactcttc ttctcaccat accaactggt ccctctga 1128

<210> 237
<211> 375
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 237

Met Glu Met Gly Ser Asn Ser Gly Pro Gly His Gly Pro Gly Gln Ala
1 5 10 15

Glu Ser Gly Gly Ser Ser Thr Glu Ser Ser Ser Phe Ser Gly Gly Leu
20 25 30

Met Phe Gly Gln Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Gly Gly Gly Gly Ser Gly
35 40 45

Ser Ser Ser Ser Gly Gly Arg Ser Asn Arg Arg Val Arg Gly Gly Gly
50 55 60

Ser Gly Gln Ser Gly Gln Ile Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Gly
65 70 75 80

Met Asp Leu Thr Asn Ala Lys Gly Tyr Tyr Ser Arg His Arg Val Cys
85 90 95

Gly Val His Ser Lys Thr Pro Lys Val Thr Val Ala Gly Ile Glu Gln
100 105 110

Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp
115 120 125

Leu Glu Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg
130 135 140

Arg Arg Lys Pro Gln Pro Ala Ser Leu Ser Val Leu Ala Ser Arg Tyr
145 150 155 160

Gly Arg Ile Ala Pro Ser Leu Tyr Glu Asn Gly Asp Ala Gly Met Asn
165 170 175

Gly Ser Phe Leu Gly Asn Gln Glu Ile Gly Trp Pro Ser Ser Arg Thr
180 185 190

Leu Asp Thr Arg Val Met Arg Arg Pro Val Ser Ser Pro Ser Trp Gln
195 200 205

Ile Asn Pro Met Asn Val Phe Ser Gln Gly Ser Val Gly Gly Gly Gly
210 215 220

Thr Ser Phe Ser Ser Pro Glu Ile Met Asp Thr Lys Leu Glu Ser Tyr
225 230 235 240

Lys Gly Ile Gly Asp Ser Asn Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Pro
245 250 255

His Gln Pro His Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
260 265 270

Asn Asn Asn Thr Trp Arg Ala Ser Ser Gly Phe Gly Pro Met Thr Val
275 280 285

Thr Met Ala Gln Pro Pro Pro Ala Pro Ser Gln His Gln Tyr Leu Asn
290 295 300

Pro Pro Trp Val Phe Lys Asp Asn Asp Asn Asp Met Ser Pro Val Leu
305 310 315 320

Asn Leu Gly Arg Tyr Thr Glu Pro Asp Asn Cys Gln Ile Ser Ser Gly
325 330 335

Thr Ala Met Gly Glu Phe Glu Leu Ser Asp His His His Gln Ser Arg
340 345 350

Arg Gln Tyr Met Glu Asp Glu Asn Thr Arg Ala Tyr Asp Ser Ser Ser
355 360 365

His His Thr Asn Trp Ser Leu
370 375

<210> 238
<211> 1149
<212> ADN
<213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 238

atggaaatgg gttccagctc tttcgctggt ggtgggggta agggtgcttc tggttcatct 60

gattcttcac tgaatggttt gaaatttggg aagaaaatct actttgaaga tgtgggtatt 120

ggagttttag gcaagtcaag tgttgggtct ccgtcaattt tggtttctga agctcggttg 180

ccaccggctt cgtcggtgaa gaagggtaga ggggttttgc aaggacaacc acctagatgt 240

tctgttgaag gttgtaagct tgatcttact gatgctaagc cttattactc aaggcacaaa 300

gtctgtggta tgcactctaa atctcctaaa gtaattgttg gtggtttgga gcagaggttt 360

tgccagcagt gtagcagatt tcatctactc tgtgaatttg accaaggcaa gcgaagctgt 420

cgtagacgtc tagctggcca caatgagcgt cgaagaaaac cacaacctgg atcaatattt 480

```
tcaccgcgct atggtcgtgt gtcaccatct ttccaagaaa atagcaccag aggaggaggt    540
tttctaatgg acttcacagc gtacccaagg ctggcaggaa gggatgcatg gcaaacagta    600
aaagccggca attgggcaga tggaaaccaa acctctccta ttaagaagct tctcccacat    660
caatggcaag gcaattcaga gaatcctcct cctattgtct attctcaggc acctcacccg    720
tatctgcaag gtgtggctag tggatcaatt ttttccagta caagaatacc ttcagccgag    780
tgttttgctg gtgtctctga ctccagctgt gctctctctc ttctgtcaaa tcaaccatgg    840
aaccccagaa accagacttc cgatttggag gtgaataaca tagtgaacgg tgaaggggta    900
tccatggcaa gatctatagc acctcatagt gctgtagtca ccaacttcac gaacaacaca    960
tggaatttta agggcaacag tgaagttagt ggcagttccc atgaaattcc acgtcaggtg   1020
tcgcagccag tcaccaatca tttctccagt gagctcgatc tagctcagca ggggaacagg   1080
cagtacatgg agatccggca ttcaagggat tttggttctt ccactcacca gatgcactgg   1140
tctctttga                                                           1149
```

<210> 239
<211> 382
<212> PRT
<213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 239

```
Met Glu Met Gly Ser Ser Ser Phe Ala Gly Gly Gly Gly Lys Gly Ala
1               5                   10                  15

Ser Gly Ser Ser Asp Ser Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys
            20                  25                  30

Ile Tyr Phe Glu Asp Val Gly Ile Gly Val Leu Gly Lys Ser Ser Val
        35                  40                  45

Gly Ser Pro Ser Ile Leu Val Ser Glu Ala Arg Leu Pro Pro Ala Ser
    50                  55                  60

Ser Val Lys Lys Gly Arg Gly Val Leu Gln Gly Gln Pro Pro Arg Cys
65                  70                  75                  80

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

Ser Arg His Lys Val Cys Gly Met His Ser Lys Ser Pro Lys Val Ile
            100                 105                 110

Val Gly Gly Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His
        115                 120                 125
```

Leu Leu Cys Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu
130 135 140

Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro Gln Pro Gly Ser Ile Phe
145 150 155 160

Ser Pro Arg Tyr Gly Arg Val Ser Pro Ser Phe Gln Glu Asn Ser Thr
165 170 175

Arg Gly Gly Gly Phe Leu Met Asp Phe Thr Ala Tyr Pro Arg Leu Ala
180 185 190

Gly Arg Asp Ala Trp Gln Thr Val Lys Ala Gly Asn Trp Ala Asp Gly
195 200 205

Asn Gln Thr Ser Pro Ile Lys Lys Leu Leu Pro His Gln Trp Gln Gly
210 215 220

Asn Ser Glu Asn Pro Pro Pro Ile Val Tyr Ser Gln Ala Pro His Pro
225 230 235 240

Tyr Leu Gln Gly Val Ala Ser Gly Ser Ile Phe Ser Ser Thr Arg Ile
245 250 255

Pro Ser Ala Glu Cys Phe Ala Gly Val Ser Asp Ser Ser Cys Ala Leu
260 265 270

Ser Leu Leu Ser Asn Gln Pro Trp Asn Pro Arg Asn Gln Thr Ser Asp
275 280 285

Leu Glu Val Asn Asn Ile Val Asn Gly Glu Gly Val Ser Met Ala Arg
290 295 300

Ser Ile Ala Pro His Ser Ala Val Val Thr Asn Phe Thr Asn Asn Thr
305 310 315 320

Trp Asn Phe Lys Gly Asn Ser Glu Val Ser Gly Ser Ser His Glu Ile
325 330 335

Pro Arg Gln Val Ser Gln Pro Val Thr Asn His Phe Ser Ser Glu Leu
340 345 350

Asp Leu Ala Gln Gln Gly Asn Arg Gln Tyr Met Glu Ile Arg His Ser
355 360 365

Arg Asp Phe Gly Ser Ser Thr His Gln Met His Trp Ser Leu
370 375 380

<210> 240
<211> 1170
<212> ADN
<213> Gossypium hirsutum

<400> 240

```
atggaaatgg gttcgggctc tttgactgag tcgggcggtt ctcccaccaa ctcttccgcc     60
gagtcactca acggcttgaa gttcggtaaa aagatctact ttgaggatac agccgctgtc    120
gccgccgccg ctggtggtaa aagtgttggt ggtggtgcaa acatagggac tccatccaag    180
tccggtccag catcttcaag cttagccggg tcgtgtagga aagccagggt tgatggaatg    240
gcgcaagggg ttctgccttc taggtgtcaa gtagaagggt gtaaagtgga tctgagtgat    300
gctaaggctt actattcaag gcataaggtt tgttgtatgc actctaagtc atctaaagtc    360
attgttgctg gtctcgagca aagattttgt cagcagtgta gcagatttca tcagctttct    420
gaatttgaca aagggaaacg gagttgtcgt agacggcttg caggtcacaa tgagcgacgc    480
aggaaaccac cacctggatc attattttcc tctccttatg gccggctttc ttcctctatt    540
attgaaaatg gcagtagagg tggaagcttt atagtggatt tctcagcata cccaaggctt    600
tcaggaaggg atgcatggcc agcagctcga tcgttagaat gcataactgg aaatcgaagc    660
acagccactg gaagctcatt ttcacatcca cggcaaaaca actccagcaa acctcctcat    720
gaccatttct tgcaaggttc accatgtggg actagtttct ccagcactgg aatttctcca    780
ggagaatgct tcacagggtc tggtgactca agctgtgctc tctctcttct gtcaaatcaa    840
ccgtggggct ccaggaacca ggctttgaat ttttctgtaa atggcgtgat aagtactgaa    900
gggtcctctg cggcacaacc aacaacgctt catggtgcag ttgtgaaccc ttattcaaat    960
gcctctttgg atttcaatgg cagtgacact gttcgcagtt ctcacaagat gctgccacac   1020
ctagatttgg gtcaaatccc agaccctgtt aactgtcaat tctctagtga ccttgagttg   1080
tctcaacaaa gctggaggtc atatatcgaa catgagcagt ccggggcagc ctatgacgac   1140
tccatgcagc atatccactg gacgctctaa                                    1170
```

<210> 241
<211> 389
<212> PRT
<213> Gossypium hirsutum

<400> 241

```
Met Glu Met Gly Ser Gly Ser Leu Thr Glu Ser Gly Gly Ser Pro Thr
1               5                   10                  15

Asn Ser Ser Ala Glu Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile
            20                  25                  30

Tyr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Val Ala Ala Ala Ala Gly Gly Lys Ser
        35                  40                  45
```

Val Gly Gly Gly Ala Asn Ile Gly Thr Pro Ser Lys Ser Gly Pro Ala
50 55 60

Ser Ser Ser Leu Ala Gly Ser Cys Arg Lys Ala Arg Val Asp Gly Met
65 70 75 80

Ala Gln Gly Val Leu Pro Ser Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Val
85 90 95

Asp Leu Ser Asp Ala Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Cys
100 105 110

Met His Ser Lys Ser Ser Lys Val Ile Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg
115 120 125

Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Ser Glu Phe Asp Lys
130 135 140

Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg
145 150 155 160

Arg Lys Pro Pro Pro Gly Ser Leu Phe Ser Ser Pro Tyr Gly Arg Leu
165 170 175

Ser Ser Ser Ile Ile Glu Asn Gly Ser Arg Gly Gly Ser Phe Ile Val
180 185 190

Asp Phe Ser Ala Tyr Pro Arg Leu Ser Gly Arg Asp Ala Trp Pro Ala
195 200 205

Ala Arg Ser Leu Glu Cys Ile Thr Gly Asn Arg Ser Thr Ala Thr Gly
210 215 220

Ser Ser Phe Ser His Pro Arg Gln Asn Asn Ser Ser Lys Pro Pro His
225 230 235 240

Asp His Phe Leu Gln Gly Ser Pro Cys Gly Thr Ser Phe Ser Ser Thr
245 250 255

Gly Ile Ser Pro Gly Glu Cys Phe Thr Gly Ser Gly Asp Ser Ser Cys
260 265 270

Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Pro Trp Gly Ser Arg Asn Gln Ala
275 280 285

Leu Asn Phe Ser Val Asn Gly Val Ile Ser Thr Glu Gly Ser Ser Ala
290 295 300

Ala Gln Pro Thr Thr Leu His Gly Ala Val Val Asn Pro Tyr Ser Asn

305 310 315 320

Ala Ser Leu Asp Phe Asn Gly Ser Asp Thr Val Arg Ser Ser His Lys
325 330 335

Met Leu Pro His Leu Asp Leu Gly Gln Ile Pro Asp Pro Val Asn Cys
340 345 350

Gln Phe Ser Ser Asp Leu Glu Leu Ser Gln Gln Ser Trp Arg Ser Tyr
355 360 365

Ile Glu His Glu Gln Ser Gly Ala Ala Tyr Asp Asp Ser Met Gln His
370 375 380

Ile His Trp Thr Leu
385

<210> 242
<211> 1017
<212> ADN
<213> Ipomoea nil

<400> 242

atggaactgg gttcttcttc ttcttctacc tctacctccg ccgactcctc atccgacggc 60
ttgaagttcg gcaaaaaagt ctactttgaa gatgcgggtg gtgggagtgg tgggtcgtcg 120
ctgccggcca agagagggag gagcgcggtg gcgcaaggcg gacagccacc caggtgccag 180
gtggaagggt gcaaggcaga tctgagtgaa tttaaggctt attactcaaa gcataaagtt 240
tgtggtatgc actccaagtc tcctaaggtc attgtttctg ggcttgaaca gagattctgc 300
cagcagtgca gcaggtttca tcaattgagt gaatttgatc aagtaaaaag gagctgccgt 360
aggcgtttgg ctggtcataa tgagcgtcgt aggaagcccc cacttggatc catattgtcc 420
acacattatg ggactctttc ttcttcaatg tttggaaaca atggccactt tgtgatggat 480
ttcgcctcat acccatatcc gggtggtaag ggctcatggc ggccaagtac caatggcgtg 540
gggaactttc ttcaacaacc atggcagaga aactctgaag atcccccacc caagcttctt 600
ttgctaggtt cggatgctgc tgctagggct acttatccca gtccttgtgg agaatacttc 660
aatggggtct cggattccac ccgtgctctc tctcttctgt caaactcaaa tcagccctgg 720
ggctcgagaa accaacaacc ctctggtctc ggggttaata gcttacttaa cactgatgga 780
acgcttgctg ttcatccatc cggttcccat gctgccgtta tcaatgaatt ttcttcaagt 840
ccatggggtt ttaaaggcaa tcaagccact accagctcag ataagatcct tcctgatagt 900
cactattctg gtgagctcga gatgatggct catcaacaaa ctggacgagc atacatggga 960
atggagtact cgacgggtta tgattcttct gtccagaatg tgcactggac tctctga 1017

<210> 243
<211> 338
<212> PRT
<213> Ipomoea nil

<400> 243

Met Glu Leu Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Thr Ser Ala Asp Ser
1 5 10 15

Ser Ser Asp Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Val Tyr Phe Glu Asp Ala
20 25 30

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ser Ser Leu Pro Ala Lys Arg Gly Arg Ser
35 40 45

Ala Val Ala Gln Gly Gly Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys
50 55 60

Lys Ala Asp Leu Ser Glu Phe Lys Ala Tyr Tyr Ser Lys His Lys Val
65 70 75 80

Cys Gly Met His Ser Lys Ser Pro Lys Val Ile Val Ser Gly Leu Glu
85 90 95

Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Ser Glu Phe
100 105 110

Asp Gln Val Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu
115 120 125

Arg Arg Arg Lys Pro Pro Leu Gly Ser Ile Leu Ser Thr His Tyr Gly
130 135 140

Thr Leu Ser Ser Ser Met Phe Gly Asn Asn Gly His Phe Val Met Asp
145 150 155 160

Phe Ala Ser Tyr Pro Tyr Pro Gly Gly Lys Gly Ser Trp Arg Pro Ser
165 170 175

Thr Asn Gly Val Gly Asn Phe Leu Gln Gln Pro Trp Gln Arg Asn Ser
180 185 190

Glu Asp Pro Pro Pro Lys Leu Leu Leu Leu Gly Ser Asp Ala Ala Ala
195 200 205

Arg Ala Thr Tyr Pro Ser Pro Cys Gly Glu Tyr Phe Asn Gly Val Ser
210 215 220

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

Gly Ser Arg Asn Gln Gln Pro Ser Gly Leu Gly Val Asn Ser Leu Leu
245 250 255

Asn Thr Asp Gly Thr Leu Ala Val His Pro Ser Gly Ser His Ala Ala
260 265 270

Val Ile Asn Glu Phe Ser Ser Ser Pro Trp Gly Phe Lys Gly Asn Gln
275 280 285

Ala Thr Thr Ser Ser Asp Lys Ile Leu Pro Asp Ser His Tyr Ser Gly
290 295 300

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

Met Glu Tyr Ser Thr Gly Tyr Asp Ser Ser Val Gln Asn Val His Trp
325 330 335

Thr Leu

<210> 244
<211> 1035
<212> ADN
<213> Lactuca sativa

<400> 244

atggagatgg gtggttcgag tggttcttcg gagtcgcaac tgctcaaaat tggtttgcaa 60
ttcgggaaag aaatctattt tgaggatgtg ggagttggag ctcaggttaa atccgatgat 120
gggttgtctc cggcgagcgg cggcgatgct gctggagggc cgcagaagaa agggagaact 180
gctggtgggg tggtgagtgg ttttggacaa cagcaaccac cgaggtgtca ggtggaaggt 240
tgtaatctgg atctgagtga tgctaaaagt tactattcaa ggcacaaagt ttgtggtgct 300
cattcgaaaa cggctaaggt cattgttaat ggccttgaac agagattctg ccaacagtgc 360
agcaggttcc atcaactacc agagtttgac cagggaaaaa gaagctgcag gagacgattg 420
gctgggcaca atgaacgtag aagaaagcca tctctgctat ccactcgcta tggaactgtc 480
tcctcctcaa tctttgaaaa caatgggaat tctggaggct ttctaatgga cttttcgtca 540
tgctcaagag gaaggattca gtggccagga acaagggcgg caccaccgcc tcgagccgcc 600
atcgacctcc caattgccgg agaaaagttc ccaccgcttc catggcaaag caacctggat 660
aatccacctc cttatgttcc accaggaggg tgttttaatg gagtccatga ggactccaac 720
tgtgctctct ctcttctgtc aaatcactca tctggctcaa ggaaccaatc cctgagccat 780
gagtactata tcaaccctga agctggtgca tatgtgcacc agcttcatca accaacaacc 840
ggaaccggag ctgggttcgg aaccatggtt gaggtcaccg ccactggctg ggtatacgag 900
acccatgatg cccatttggg tttgggtcac gtcccacagt ctggtggtgg ctactctggt 960
gaggttggac ttggtccaca tggtggggga aggcgatatg actcatctgt tgaccacatt 1020
gactggtcac tttga 1035

<210> 245
<211> 344
<212> PRT

<213> Lactuca sativa

<400> 245

```
Met Glu Met Gly Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gln Leu Leu Lys
1               5                   10                  15

Ile Gly Leu Gln Phe Gly Lys Glu Ile Tyr Phe Glu Asp Val Gly Val
            20                  25                  30

Gly Ala Gln Val Lys Ser Asp Asp Gly Leu Ser Pro Ala Ser Gly Gly
        35                  40                  45

Asp Ala Ala Gly Gly Pro Gln Lys Lys Gly Arg Thr Ala Gly Gly Val
    50                  55                  60

Val Ser Gly Phe Gly Gln Gln Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly
65                  70                  75                  80

Cys Asn Leu Asp Leu Ser Asp Ala Lys Ser Tyr Tyr Ser Arg His Lys
                85                  90                  95

Val Cys Gly Ala His Ser Lys Thr Ala Lys Val Ile Val Asn Gly Leu
            100                 105                 110

Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu
        115                 120                 125

Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn
    130                 135                 140

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

Ser Ser Ser Ile Phe Glu Asn Asn Gly Asn Ser Gly Gly Phe Leu Met
                165                 170                 175

Asp Phe Ser Ser Cys Ser Arg Gly Arg Ile Gln Trp Pro Gly Thr Arg
            180                 185                 190

Ala Ala Pro Pro Pro Arg Ala Ala Ile Asp Leu Pro Ile Ala Gly Glu
        195                 200                 205
```

Lys Phe Pro Pro Leu Pro Trp Gln Ser Asn Leu Asp Asn Pro Pro Pro
210 215 220

Tyr Val Pro Pro Gly Gly Cys Phe Asn Gly Val His Glu Asp Ser Asn
225 230 235 240

Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn His Ser Ser Gly Ser Arg Asn Gln
245 250 255

Ser Leu Ser His Glu Tyr Tyr Ile Asn Pro Glu Ala Gly Ala Tyr Val
260 265 270

His Gln Leu His Gln Pro Thr Thr Gly Thr Gly Ala Gly Phe Gly Thr
275 280 285

Met Val Glu Val Thr Ala Thr Gly Trp Val Tyr Glu Thr His Asp Ala
290 295 300

His Leu Gly Leu Gly His Val Pro Gln Ser Gly Gly Gly Tyr Ser Gly
305 310 315 320

Glu Val Gly Leu Gly Pro His Gly Gly Gly Arg Arg Tyr Asp Ser Ser
325 330 335

Val Asp His Ile Asp Trp Ser Leu
340

<210> 246
<211> 1137
<212> ADN
<213> Malus domestica

<400> 246

atggaaatgg gctcgagttc taagaccgag tcagcgagct cttcctcctc ttcgccgccc 60
aactcctccg ctgagtcact caacggcttg aaattcggcc ggaaaatcta ctttgaggat 120
gggggttttg gagctctgca caaatcatca tgcgggtctg ctgctgggtc ttcctccgcc 180
ggggctacgc cgccaaagaa gcaaaggggc ggcggaaatt tgggtcagcc gccgcggtgt 240
caggtggagg gctgcgaggt agatctgagt ggtgccaaag cttactattc caggcacaaa 300
gtctgtggct tgcactctaa aactcccact gtcattgttg ctggtcttga acagaggttt 360
tgccaacagt gtagcaggtt tcatttactt cctgaatttg atcaaggaaa acgtagttgt 420
cgtagacgct tggctgggca taatgagcgt cgtagaaaac cacctccagg atccatactg 480
tctacgcgtg gcagactttc ttcgtctctc tacgaaaaca gcagcagaat tggaagcttt 540
ctgatggact tcactgcata cccaaggttt tctgggaggg atacatggac aacaagaacc 600
tctgagcgag cacctgttaa tcaaaatgcc aatgacgcag ggaagtttct acaacagccg 660

```
tggcagagca actctgatat ttctacatcc ggcttttacc tacaaggttc agcaggcggg    720
actagttatc ctggtcctgg aattcctcca ggagaatgtg tcacagtagt cactgactca    780
agctgtgctc tctctcttct gtcaaatcag ccatggggct ctcgaaaccg agtattgggt    840
gctgggatga attccttgat gaacactcaa ggggtacctg tggctcaacc agtccctcat    900
tctgcaacct ccaatcactt tccgaccact tcgtggggtt tcaaaggaaa tgaaaatggt    960
agcagctcac acgggatgct tccagatctg ggtctcggtc aaatctcgca gccgcttagc   1020
agtcagtact ctggtgtgct ggagctgtct caacagggta ggaggcagca acacatggaa   1080
ctcggacaca ccaggggcta tgactccacc agtcagcaga tgcactggtc actttaa      1137
```

<210> 247
<211> 378
<212> PRT
<213> Malus domestica

<400> 247

```
Met Glu Met Gly Ser Ser Ser Lys Thr Glu Ser Ala Ser Ser Ser Ser
1               5                   10                  15

Ser Ser Pro Pro Asn Ser Ser Ala Glu Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe
            20                  25                  30

Gly Arg Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Gly Gly Phe Gly Ala Leu His Lys
        35                  40                  45

Ser Ser Cys Gly Ser Ala Ala Gly Ser Ser Ser Ala Gly Ala Thr Pro
    50                  55                  60

Pro Lys Lys Gln Arg Gly Gly Gly Asn Leu Gly Gln Pro Pro Arg Cys
65                  70                  75                  80

Gln Val Glu Gly Cys Glu Val Asp Leu Ser Gly Ala Lys Ala Tyr Tyr
                85                  90                  95

Ser Arg His Lys Val Cys Gly Leu His Ser Lys Thr Pro Thr Val Ile
            100                 105                 110

Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His
        115                 120                 125

Leu Leu Pro Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu
    130                 135                 140

Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro Pro Pro Gly Ser Ile Leu
145                 150                 155                 160

Ser Thr Arg Gly Arg Leu Ser Ser Ser Leu Tyr Glu Asn Ser Ser Arg
```

165 170 175

Ile Gly Ser Phe Leu Met Asp Phe Thr Ala Tyr Pro Arg Phe Ser Gly
180 185 190

Arg Asp Thr Trp Thr Thr Arg Thr Ser Glu Arg Ala Pro Val Asn Gln
195 200 205

Asn Ala Asn Asp Ala Gly Lys Phe Leu Gln Gln Pro Trp Gln Ser Asn
210 215 220

Ser Asp Ile Ser Thr Ser Gly Phe Tyr Leu Gln Gly Ser Ala Gly Gly
225 230 235 240

Thr Ser Tyr Pro Gly Pro Gly Ile Pro Pro Gly Glu Cys Val Thr Val
245 250 255

Val Thr Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Pro Trp
260 265 270

Gly Ser Arg Asn Arg Val Leu Gly Ala Gly Met Asn Ser Leu Met Asn
275 280 285

Thr Gln Gly Val Pro Val Ala Gln Pro Val Pro His Ser Ala Thr Ser
290 295 300

Asn His Phe Pro Thr Thr Ser Trp Gly Phe Lys Gly Asn Glu Asn Gly
305 310 315 320

Ser Ser Ser His Gly Met Leu Pro Asp Leu Gly Leu Gly Gln Ile Ser
325 330 335

Gln Pro Leu Ser Ser Gln Tyr Ser Gly Val Leu Glu Leu Ser Gln Gln
340 345 350

Gly Arg Arg Gln Gln His Met Glu Leu Gly His Thr Arg Gly Tyr Asp
355 360 365

Ser Thr Ser Gln Gln Met His Trp Ser Leu
370 375

<210> 248
<211> 1014
<212> ADN
<213> Medicago trunculata

<400> 248

atggattcag gaggcaactc ttcttcagaa gagtcctcac ttaatggctt gaaatttggc 60

caacgaatct atttcgaaga tacagctctt actgctgctt ctgctgctgc tgctagtact 120

```
accattgctg ctggttctcc ttcttcttct ggttcaaaga aaggaagagg tgggtcagtt    180
caacattctc aaccacctag gtgtcaagtt gaaggatgta aactagatct gactgatgct    240
aaagcttact attctagaca caaagtttgt agcatgcact ctaaatcccc tactgttact    300
gtttctggtc ttcaacaaag gttttgtcaa caatgtagca gatttcatca gcttgctgag    360
tttgatcaag gaaaaagaag ttgtcggaga cgactagctg gtcataatga gcgtcgcaga    420
aagcccccac ccagctctct cttaacctca cgttttgcca ggctttcttc gtctgttttt    480
ggtaacagcg acagaggtgg cagctttttg atggaatttg cttcaaatcc gaaacatagt    540
ctgaggaatt cacccggaaa tcaaaccaca gcaatcggtt ggccttggcc ggggaacacg    600
gagtcgccat ctagcaacct tttcttgcaa ggttcggtgg gtgggacaag cttccctggt    660
gccaggcatc ctcccgagga aacttacact ggagtcacag attcaaactg tgctctctct    720
cttctgtcaa atcaaacatg gggttctcaa aacacagaac caagtcctgg attgaataac    780
atgctgaatt tcaacgggac acccatgaca caacttggta catcttctca tggtgtagcc    840
atgcatcaaa ttccaaacaa ttacgaggtt gtccctgatc ttggtcgggg tcacattttg    900
catcctcttg gtagccaaca ctctggcgag cttgatctgt tgcagcaggg aaggaggcat    960
tatatggatg tagaacattc cagggcctat gaatcttctc agtggtcact gtaa         1014
```

<210> 249
<211> 337
<212> PRT
<213> Medicago trunculata

<400> 249

```
Met Asp Ser Gly Gly Asn Ser Ser Ser Glu Glu Ser Ser Leu Asn Gly
1               5                   10                  15

Leu Lys Phe Gly Gln Arg Ile Tyr Phe Glu Asp Thr Ala Leu Thr Ala
            20                  25                  30

Ala Ser Ala Ala Ala Ala Ser Thr Thr Ile Ala Ala Gly Ser Pro Ser
        35                  40                  45

Ser Ser Gly Ser Lys Lys Gly Arg Gly Gly Ser Val Gln His Ser Gln
    50                  55                  60

Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Leu Asp Leu Thr Asp Ala
65                  70                  75                  80

Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Ser Met His Ser Lys Ser
                85                  90                  95

Pro Thr Val Thr Val Ser Gly Leu Gln Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys
            100                 105                 110
```

Ser Arg Phe His Gln Leu Ala Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys
115 120 125

Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro Pro Pro
130 135 140

Ser Ser Leu Leu Thr Ser Arg Phe Ala Arg Leu Ser Ser Ser Val Phe
145 150 155 160

Gly Asn Ser Asp Arg Gly Gly Ser Phe Leu Met Glu Phe Ala Ser Asn
165 170 175

Pro Lys His Ser Leu Arg Asn Ser Pro Gly Asn Gln Thr Thr Ala Ile
180 185 190

Gly Trp Pro Trp Pro Gly Asn Thr Glu Ser Pro Ser Ser Asn Leu Phe
195 200 205

Leu Gln Gly Ser Val Gly Gly Thr Ser Phe Pro Gly Ala Arg His Pro
210 215 220

Pro Glu Glu Thr Tyr Thr Gly Val Thr Asp Ser Asn Cys Ala Leu Ser
225 230 235 240

Leu Leu Ser Asn Gln Thr Trp Gly Ser Gln Asn Thr Glu Pro Ser Pro
245 250 255

Gly Leu Asn Asn Met Leu Asn Phe Asn Gly Thr Pro Met Thr Gln Leu
260 265 270

Gly Thr Ser Ser His Gly Val Ala Met His Gln Ile Pro Asn Asn Tyr
275 280 285

Glu Val Val Pro Asp Leu Gly Arg Gly His Ile Leu His Pro Leu Gly
290 295 300

Ser Gln His Ser Gly Glu Leu Asp Leu Leu Gln Gln Gly Arg Arg His
305 310 315 320

Tyr Met Asp Val Glu His Ser Arg Ala Tyr Glu Ser Ser Gln Trp Ser
325 330 335

Leu

<210> 250
<211> 1143
<212> ADN
<213> Nicotiana bentamiana

<400> 250

```
atggaacttc tggcttctgc ttcttcttct acttctacta attctacttc ccctgactct     60
cctcccaaca ctttaaaatt tggtcaaaaa atctactttg agcatgttgg acttcagcac    120
ctcaaatcag caactgggtc gtcgtcgtca tcgccgccgg tcatcggaac tccggcgccg    180
gcgatgtcca agaaaggaag agggggtggt gtagttcaag gtcggcaacc acctaggtgt    240
caagttgaag ggtgtgaagc agatctgagt gatgttaagg cttactattc aaggcacaaa    300
gtctgtgcta cacattctaa gtctcctgtg gtcattgttg ctggtcttga acaaagattt    360
tgtcaacagt gtagcaggtt tcatcggttg ccagaatttg accaagggaa acgcagttgc    420
cgcaggcgcc tagcaggcca taatgagcgt cggaggaaac ctccacctgg atctcttttg    480
tctaatcgct atggaagtct ttcttcatca atatttgaaa acaatggcag atctggaagt    540
tttctggttg acttcactgc atatccgaat ctcactggag gtgcatggcc aaatactaga    600
tcatctgatc gaggatggga taatcaatcc actgcgtcag ggaagcttct ccaaagtcat    660
tggctgaaca gttctgaaaa tccgacatcc gaccttgttc tgcaaggttc agttgctagg    720
ggtgccaatt attctggtcc tggtattatt ccttccggaa actgcttctc tggagtctca    780
gattccaatg gtgctctctc tcttctgtca aatgagccat ggggctcgag gaaccaatcc    840
tctagcctcg gggttaacgg cttggtcaac actgatggcg gacataccgt tcacccatcg    900
ggttcccatg ctgctcctgt caatcactac tcaggccctc tatggggatt taaaggaaat    960
gaagctagta gcagttcaca tgcaatacct cctgatctcg ggctgggtca catttctcaa   1020
catgctgtca atcagtactc tggtgagcct gggatggctc agcacagtgg aagacagtac   1080
atgggactgg agcattcaaa gggttataat tcttctgttc agaatgtgca ctggacactt   1140
tga                                                                 1143
```

<210> 251
<211> 380
<212> PRT
<213> Nicotiana bentamiana

<400> 251

```
Met Glu Leu Leu Ala Ser Ala Ser Ser Ser Thr Ser Thr Asn Ser Thr
1               5                   10                  15

Ser Pro Asp Ser Pro Pro Asn Thr Leu Lys Phe Gly Gln Lys Ile Tyr
            20                  25                  30

Phe Glu His Val Gly Leu Gln His Leu Lys Ser Ala Thr Gly Ser Ser
        35                  40                  45

Ser Ser Ser Pro Pro Val Ile Gly Thr Pro Ala Pro Ala Met Ser Lys
    50                  55                  60
```

Lys Gly Arg Gly Gly Gly Val Val Gln Gly Arg Gln Pro Pro Arg Cys
65 70 75 80

Gln Val Glu Gly Cys Glu Ala Asp Leu Ser Asp Val Lys Ala Tyr Tyr
85 90 95

Ser Arg His Lys Val Cys Ala Thr His Ser Lys Ser Pro Val Val Ile
100 105 110

Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His
115 120 125

Arg Leu Pro Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu
130 135 140

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

Ser Asn Arg Tyr Gly Ser Leu Ser Ser Ser Ile Phe Glu Asn Asn Gly
165 170 175

Arg Ser Gly Ser Phe Leu Val Asp Phe Thr Ala Tyr Pro Asn Leu Thr
180 185 190

Gly Gly Ala Trp Pro Asn Thr Arg Ser Ser Asp Arg Gly Trp Asp Asn
195 200 205

Gln Ser Thr Ala Ser Gly Lys Leu Leu Gln Ser His Trp Leu Asn Ser
210 215 220

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

Gly Ala Asn Tyr Ser Gly Pro Gly Ile Ile Pro Ser Gly Asn Cys Phe
245 250 255

Ser Gly Val Ser Asp Ser Asn Gly Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Glu
260 265 270

Pro Trp Gly Ser Arg Asn Gln Ser Ser Ser Leu Gly Val Asn Gly Leu
275 280 285

Val Asn Thr Asp Gly Gly His Thr Val His Pro Ser Gly Ser His Ala
290 295 300

Ala Pro Val Asn His Tyr Ser Gly Pro Leu Trp Gly Phe Lys Gly Asn
305 310 315 320

Glu Ala Ser Ser Ser Ser His Ala Ile Pro Pro Asp Leu Gly Leu Gly
325 330 335

His Ile Ser Gln His Ala Val Asn Gln Tyr Ser Gly Glu Pro Gly Met
340 345 350

Ala Gln His Ser Gly Arg Gln Tyr Met Gly Leu Glu His Ser Lys Gly
355 360 365

Tyr Asn Ser Ser Val Gln Asn Val His Trp Thr Leu
370 375 380

<210> 252
<211> 1254
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 252

```
atggagatgg ccagtggagg aggcgccgcc gccgccgccg gcggcggagt aggcggcagc     60
ggcggcggtg gtggtggagg ggacgagcac cgccagctgc acggtctcaa gttcggcaag    120
aagatctact tcgaggacgc cgccgcggca gcaggcggcg gcggcactgg cagtggcagt    180
ggcagcgcga gcgccgcgcc gccgtcctcg tcttccaagg cggcgggtgg tggacgcggc    240
ggagggggca agaacaaggg gaagggcgtg gccgcggcgg cgccaccgcc gccgccgccg    300
ccgccgcggt gccaggtgga ggggtgcggc gcggatctga gcgggatcaa gaactactac    360
tgccgccaca aggtgtgctt catgcattcc aaggctcccc gcgtcgtcgt cgccggcctc    420
gagcagcgct tctgccagca gtgcagcagg ttccacctgc tgcctgaatt tgaccaagga    480
aaacgcagct gccgcagacg ccttgcaggt cataatgagc gccggaggag gccgcaaacc    540
cctttggcat cacgctacgg tcgactagct gcatctgttg gtgagcatcg caggttcaga    600
agctttacgt tggatttctc ctacccaagg gttccaagca gcgtaaggaa tgcatggcca    660
gcaattcaac caggcgatcg gatctccggt ggtatccagt ggcacaggaa cgtagctcct    720
catggtcact ctagtgcagt ggcgggatat ggtgccaaca catacagcgg ccaaggtagc    780
tcttcttcag ggccaccggt gttcgctggc ccaaatctcc ctccaggtgg atgtctcgca    840
ggggtcggtg ccgccaccga ctcgagctgt gctctctctc ttctgtcaac ccagccatgg    900
gatactacta cccacagtgc cgctgccagc cacaaccagg ctgcagccat gtccactacc    960
accagctttg atggcaatcc tgtggcaccc tccgccatgg cgggtagcta catggcacca   1020
agcccctgga caggttctcg gggccatgag ggtggtggtc ggagcgtggc gcaccagcta   1080
ccacatgaag tctcacttga tgaggtgcac cctggtccta gccatcatgc ccacttctcc   1140
ggtgagcttg agcttgctct gcaggggaac ggtccagccc cagcaccacg catcgatcct   1200
gggtccggca gcaccttcga ccaaaccagc aacacgatgg attggtctct gtag         1254
```

<210> 253
<211> 417
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 253

Met Glu Met Ala Ser Gly Gly Gly Ala Ala Ala Ala Ala Gly Gly Gly
1 5 10 15

Val Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Asp Glu His Arg Gln
20 25 30

Leu His Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Ala Ala
35 40 45

Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Thr Gly Ser Gly Ser Gly Ser Ala Ser
50 55 60

Ala Ala Pro Pro Ser Ser Ser Ser Lys Ala Ala Gly Gly Gly Arg Gly
65 70 75 80

Gly Gly Gly Lys Asn Lys Gly Lys Gly Val Ala Ala Ala Ala Pro Pro
85 90 95

Pro Pro Pro Pro Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Gly Ala Asp
100 105 110

Leu Ser Gly Ile Lys Asn Tyr Tyr Cys Arg His Lys Val Cys Phe Met
115 120 125

His Ser Lys Ala Pro Arg Val Val Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg Phe
130 135 140

Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Leu Leu Pro Glu Phe Asp Gln Gly
145 150 155 160

Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg
165 170 175

Arg Pro Gln Thr Pro Leu Ala Ser Arg Tyr Gly Arg Leu Ala Ala Ser
180 185 190

Val Gly Glu His Arg Arg Phe Arg Ser Phe Thr Leu Asp Phe Ser Tyr
195 200 205

Pro Arg Val Pro Ser Ser Val Arg Asn Ala Trp Pro Ala Ile Gln Pro
210 215 220

Gly Asp Arg Ile Ser Gly Gly Ile Gln Trp His Arg Asn Val Ala Pro
225 230 235 240

His Gly His Ser Ser Ala Val Ala Gly Tyr Gly Ala Asn Thr Tyr Ser
245 250 255

Gly Gln Gly Ser Ser Ser Ser Gly Pro Pro Val Phe Ala Gly Pro Asn
260 265 270

Leu Pro Pro Gly Gly Cys Leu Ala Gly Val Gly Ala Ala Thr Asp Ser
275 280 285

Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Thr Gln Pro Trp Asp Thr Thr Thr
290 295 300

His Ser Ala Ala Ala Ser His Asn Gln Ala Ala Ala Met Ser Thr Thr
305 310 315 320

Thr Ser Phe Asp Gly Asn Pro Val Ala Pro Ser Ala Met Ala Gly Ser
325 330 335

Tyr Met Ala Pro Ser Pro Trp Thr Gly Ser Arg Gly His Glu Gly Gly
340 345 350

Gly Arg Ser Val Ala His Gln Leu Pro His Glu Val Ser Leu Asp Glu
355 360 365

Val His Pro Gly Pro Ser His His Ala His Phe Ser Gly Glu Leu Glu
370 375 380

Leu Ala Leu Gln Gly Asn Gly Pro Ala Pro Ala Pro Arg Ile Asp Pro
385 390 395 400

Gly Ser Gly Ser Thr Phe Asp Gln Thr Ser Asn Thr Met Asp Trp Ser
405 410 415

Leu

<210> 254
<211> 1182
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 254

atggcgaccg gcggcagcgg cggcggcggc ggaggtggag gtggtggtga cgatgtccac 60

gggctcaagt tcggcaagaa gatctacttc gagcaggacg cggcggcgtc ggcgtcggcg 120

gcggcggtgg agtcgtcgtc gacgtcgtcg ggcggaggcg gcaagaaggg gaagggcgtg 180

gcggcggcgg cggcgccccc gccgccgctg ccgccgaggt gccaggtgga gggttgcggc 240

gtggatctga gcggcgtcaa gccgtactac tgccgccaca aggtgtgcta catgcacgcc 300

```
aaggagccca tcgtcgtcgt cgccggcctc gagcagcgct tctgccaaca gtgcagcagg    360
ttccaccaat tacctgaatt tgatcaagaa aaaaaaagct gccgcagacg ccttgcaggt    420
cacaatgaac gccggaggaa gccgacacct ggacctcttt cttctcgcta tggccggctt    480
gctgcatcct ttcatgaaga gccaggcagg tccagaagct ttgtggtaga tttctcatac    540
ccaagggttc caagcagtgt gagggatgcg tggcctgcta ttcagcccag cgatcgcatg    600
tccggttcaa tccagtggca agggggccat gaactccatc ctcaccgcag cgcagttgcg    660
ggatacagtg atcaccatgc gttcagcagc catggtggct cagcggctgg ggcaccaatg    720
ctccaccacc cagcctttga gctcacctca ggtggatgtc tcgcgggagt cgccaccgac    780
tccagctgtg ctctctctct tctgtcaact cagccatggg atactaccca aagcaccagc    840
agccacaacc ggtccccgcc aatgtcgtca acggccagcg ccttcggagg cggcaacaac    900
ccggtgtcgc cctcggtcat ggcaagcaac tacatggcgg cgagccccgg ctggaacagc    960
tccagccggg gccatgacgg cgccaggaac gtgcacctgc cgccaccgca cggggttgtg   1020
ctgaacgagg tccctccggg ctctgtccac cacggccatt tctccggcga gctcgagctc   1080
gcactgcagg gaggtgcccc gtccaaccgg ccggaagccg agcatggctc cggcagcggc   1140
gccttcagcc actccaccaa tgccatgaac tggtctctgt ag                      1182
```

<210> 255
<211> 393
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 255

```
Met Ala Thr Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
1               5                   10                  15

Asp Asp Val His Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Gln
            20                  25                  30

Asp Ala Ala Ala Ser Ala Ser Ala Ala Ala Val Glu Ser Ser Ser Thr
        35                  40                  45

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Lys Lys Gly Lys Gly Val Ala Ala Ala Ala
    50                  55                  60

Ala Pro Pro Pro Pro Leu Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Gly
65                  70                  75                  80

Val Asp Leu Ser Gly Val Lys Pro Tyr Tyr Cys Arg His Lys Val Cys
                85                  90                  95

Tyr Met His Ala Lys Glu Pro Ile Val Val Val Ala Gly Leu Glu Gln
            100                 105                 110
```

Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp
115 120 125

Gln Glu Lys Lys Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg
130 135 140

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

Ala Ala Ser Phe His Glu Glu Pro Gly Arg Ser Arg Ser Phe Val Val
165 170 175

Asp Phe Ser Tyr Pro Arg Val Pro Ser Ser Val Arg Asp Ala Trp Pro
180 185 190

Ala Ile Gln Pro Ser Asp Arg Met Ser Gly Ser Ile Gln Trp Gln Gly
195 200 205

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

His His Ala Phe Ser Ser His Gly Gly Ser Ala Ala Gly Ala Pro Met
225 230 235 240

Leu His His Pro Ala Phe Glu Leu Thr Ser Gly Gly Cys Leu Ala Gly
245 250 255

Val Ala Thr Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Thr Gln Pro
260 265 270

Trp Asp Thr Thr Gln Ser Thr Ser Ser His Asn Arg Ser Pro Pro Met
275 280 285

Ser Ser Thr Ala Ser Ala Phe Gly Gly Gly Asn Asn Pro Val Ser Pro
290 295 300

Ser Val Met Ala Ser Asn Tyr Met Ala Ala Ser Pro Gly Trp Asn Ser
305 310 315 320

Ser Ser Arg Gly His Asp Gly Ala Arg Asn Val His Leu Pro Pro Pro
325 330 335

His Gly Val Val Leu Asn Glu Val Pro Pro Gly Ser Val His His Gly
340 345 350

His Phe Ser Gly Glu Leu Glu Leu Ala Leu Gln Gly Gly Ala Pro Ser
355 360 365
Asn Arg Pro Glu Ala Glu His Gly Ser Gly Ser Gly Ala Phe Ser His
370 375 380

Ser Thr Asn Ala Met Asn Trp Ser Leu
385 390

<210> 256
<211> 1119
<212> ADN
<213> Solanum tuberosum

<400> 256

```
atggaactgg gttcagtttc ttcttctggt aattcaagct catctgattc tttgaatggt     60
ttgaagtttg gtaagaaaat ctactttgga aatgtgggtg ttggagttca ggtcaagaat    120
ggaagtgggt cgtcgccggt gaccggagat gggaacatgc caccggctcc ggcgacgact    180
aagaggggga ggggtgggtt ggtgcagggt ggtcatccac ctaggtgtca agttgaaggt    240
tgtcaggcag atctgagtga tgctaaggct tactattcaa ggcataaagt ttgtggtatg    300
cactctaagt ctcctactgt tgttgttgct ggtcttgaac agaggttttg ccaacagtgt    360
agcaggttcc atcaattaac tgaattcgac caggggaaaa ggagttgccg caggagactg    420
gcatgccata atgagcgtcg taggaagcct ccatctggat ctcttttctc tacacactac    480
gggaatcttt cttcatcaat atttgaaaat aatagcagca gatccggaag ctttctggtc    540
gacttcagct cacaccaaaa tgtcaatgat agttcatggc caaatactcg agcatctgaa    600
caaggatggg atcatcaatc atcagggaag ttccttcaac gtccttggct gaataactct    660
gaaaatgctg ccagtgagct tgttttgcaa ggttcagcta ccaggaccag ttatcctagt    720
gttccttctg gagactattt tcctggagtc tcagattcaa gtggtgctct ctctcttctg    780
tcaaatcggt cctggggatc aaggaatcga tctccaagtc ttggggttaa cagccaagtt    840
cacattgatg gggtacacac cattcaacct tcaggttctc atggtgcacc taccaatcac    900
ttctcaagcc cttcattgag ttttaaagga aatgaagcta gcagcagttc acatgagatg    960
cctcctgatc tcggtttggg tcaaatgtta caagcttctg ataatccata ctgtggcgag   1020
cttgggatgg ctcagcatgg tgatggacga caatacatgg aactggacca gtccaagggt   1080
tatcatcctt ctgttcagaa tgtgcactgg actctttga                          1119
```

<210> 257
<211> 372
<212> PRT
<213> Solanum tuberosum

<400> 257

```
Met Glu Leu Gly Ser Val Ser Ser Ser Gly Asn Ser Ser Ser Ser Asp
1               5                   10                  15
```

Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Gly Asn Val
20 25 30

Gly Val Gly Val Gln Val Lys Asn Gly Ser Gly Ser Ser Pro Val Thr
35 40 45

Gly Asp Gly Asn Met Pro Pro Ala Pro Ala Thr Thr Lys Arg Gly Arg
50 55 60

Gly Gly Leu Val Gln Gly Gly His Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly
65 70 75 80

Cys Gln Ala Asp Leu Ser Asp Ala Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys
85 90 95

Val Cys Gly Met His Ser Lys Ser Pro Thr Val Val Val Ala Gly Leu
100 105 110

Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Thr Glu
115 120 125

Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Cys His Asn
130 135 140

Glu Arg Arg Arg Lys Pro Pro Ser Gly Ser Leu Phe Ser Thr His Tyr
145 150 155 160

Gly Asn Leu Ser Ser Ser Ile Phe Glu Asn Asn Ser Ser Arg Ser Gly
165 170 175

Ser Phe Leu Val Asp Phe Ser Ser His Gln Asn Val Asn Asp Ser Ser
180 185 190

Trp Pro Asn Thr Arg Ala Ser Glu Gln Gly Trp Asp His Gln Ser Ser
195 200 205

Gly Lys Phe Leu Gln Arg Pro Trp Leu Asn Asn Ser Glu Asn Ala Ala
210 215 220

Ser Glu Leu Val Leu Gln Gly Ser Ala Thr Arg Thr Ser Tyr Pro Ser
225 230 235 240

Val Pro Ser Gly Asp Tyr Phe Pro Gly Val Ser Asp Ser Ser Gly Ala
245 250 255

Leu Ser Leu Leu Ser Asn Arg Ser Trp Gly Ser Arg Asn Arg Ser Pro
260 265 270

Ser Leu Gly Val Asn Ser Gln Val His Ile Asp Gly Val His Thr Ile

275 280 285

Gln Pro Ser Gly Ser His Gly Ala Pro Thr Asn His Phe Ser Ser Pro
290 295 300

Ser Leu Ser Phe Lys Gly Asn Glu Ala Ser Ser Ser Ser His Glu Met
305 310 315 320

Pro Pro Asp Leu Gly Leu Gly Gln Met Leu Gln Ala Ser Asp Asn Pro
325 330 335

Tyr Cys Gly Glu Leu Gly Met Ala Gln His Gly Asp Gly Arg Gln Tyr
340 345 350

Met Glu Leu Asp Gln Ser Lys Gly Tyr His Pro Ser Val Gln Asn Val
355 360 365

His Trp Thr Leu
370

<210> 258
<211> 1140
<212> ADN
<213> Vitis vinifera

<400> 258

atggaaaggg gttcgagctc tttgaccgtt tccagctctt cggccaactc gtctgagtcg 60
ctcaacgggt tgaaatttgg gcagaagata tattttgaag atttgggcgt tggagctccg 120
gccaaatcgg gaaccggctc ctcctcctcc tcctctgccg ccggctccgg tggtcgccca 180
cctccggcgc cgccaaagaa ggtaagaggt agtggggttg ttcagggagg ccaaccaccg 240
aggtgtcaag ttgaagggtg taaactagat ctgagtgatg ccaaagctta ctattcaagg 300
cataaagtgt gtggtatgca ttcgaagtct ccaacggtca ttgttgcggg ccttgagcag 360
aggttttgcc agcagtgtag cagatttcat cagcttgccg aatttgacca aggaaaacga 420
agttgtcgta ggcgcctggc tggtcataat gagcgtcgca ggaagccacc acctggatct 480
ttattgtcct cacgctatgg gcgactttct tcatccattt ttgaaaacag cagcagggtg 540
ggaggaggct ttctgatgga ctttgctgca tacccaaggc atcccgagag ggatacttgg 600
ccaactacaa gagcatctga tcgggtacct ggaaatcaaa ccactgcgat gggaaggttt 660
cttccacatc catggcagag caactctgag aatcctctct ttctgcaagg ttcagccggc 720
gggaccagct ttcatggtcc tggaattcct tcaggagaat gtttcacagg ggcctccgac 780
tcaagctgtg ctctctctct tctgtcaaat cagccatgga gctccaggaa tcgagcatct 840
ggtcttggag caaacagctt catgaatcct gaaggggcat ccatggcgca acccacagct 900
cctcatagtg cagctatcaa tcacttccca agcacctcgt gggatttcaa gggcaatgaa 960
ggtagtagca gttcgcagga gatgccacct gatcttggtc ttggtcaaat ttcacagcct 1020
attaatagcc agttctcagg tgggggcgag ttgccccaac agagtggaag gcaatacatg 1080
gaactcgagc actccagggc ttatgacact tccactcagc agatgcactg gtcactttag 1140

<210> 259
<211> 379

<212> PRT
<213> Vitis vinifera

<400> 259

```
Met Glu Arg Gly Ser Ser Ser Leu Thr Val Ser Ser Ser Ser Ala Asn
1               5                   10                  15

Ser Ser Glu Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe Gly Gln Lys Ile Tyr Phe
            20                  25                  30

Glu Asp Leu Gly Val Gly Ala Pro Ala Lys Ser Gly Thr Gly Ser Ser
        35                  40                  45

Ser Ser Ser Ser Ala Ala Gly Ser Gly Gly Arg Pro Pro Pro Ala Pro
    50                  55                  60

Pro Lys Lys Val Arg Gly Ser Gly Val Val Gln Gly Gly Gln Pro Pro
65                  70                  75                  80

Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Leu Asp Leu Ser Asp Ala Lys Ala
                85                  90                  95

Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Gly Met His Ser Lys Ser Pro Thr
            100                 105                 110

Val Ile Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg
        115                 120                 125

Phe His Gln Leu Ala Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg
    130                 135                 140

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

Leu Leu Ser Ser Arg Tyr Gly Arg Leu Ser Ser Ser Ile Phe Glu Asn
                165                 170                 175

Ser Ser Arg Val Gly Gly Gly Phe Leu Met Asp Phe Ala Ala Tyr Pro
            180                 185                 190

Arg His Pro Glu Arg Asp Thr Trp Pro Thr Thr Arg Ala Ser Asp Arg
        195                 200                 205
```

Val Pro Gly Asn Gln Thr Thr Ala Met Gly Arg Phe Leu Pro His Pro
210 215 220

Trp Gln Ser Asn Ser Glu Asn Pro Leu Phe Leu Gln Gly Ser Ala Gly
225 230 235 240

Gly Thr Ser Phe His Gly Pro Gly Ile Pro Ser Gly Glu Cys Phe Thr
245 250 255

Gly Ala Ser Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Pro
260 265 270

Trp Ser Ser Arg Asn Arg Ala Ser Gly Leu Gly Ala Asn Ser Phe Met
275 280 285

Asn Pro Glu Gly Ala Ser Met Ala Gln Pro Thr Ala Pro His Ser Ala
290 295 300

Ala Ile Asn His Phe Pro Ser Thr Ser Trp Asp Phe Lys Gly Asn Glu
305 310 315 320

Gly Ser Ser Ser Ser Gln Glu Met Pro Pro Asp Leu Gly Leu Gly Gln
325 330 335

Ile Ser Gln Pro Ile Asn Ser Gln Phe Ser Gly Gly Gly Glu Leu Pro
340 345 350

Gln Gln Ser Gly Arg Gln Tyr Met Glu Leu Glu His Ser Arg Ala Tyr
355 360 365

Asp Thr Ser Thr Gln Gln Met His Trp Ser Leu
370 375

<210> 260
<211> 1209
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 260

atggagtccg gcggtggcgg ggacgaccag ctgcacggcc tcaagttcgg caagaagatc 60

tacttcgagg acgccgccgg ctccagcagc ggcagcagca gcggcggtgg cagcgcgccc 120

gcgcctccag cgacgcagca gccgtcgccg ccggccgctt cgcctagggc cccggccggc 180

ggcggcagga ggggcagggc cgcggccggc ggcgcgggcc cctcgacggc gcccgcgccc 240

gcgcgctgcc aggtcgacgg ctgcaacgtt gacctcaccg acgtcaagcc cgcctactac 300

tgccgccaca aggtgtgcaa aatgcactcc aaggagcccc gcgtcctcgt caacggcctc 360

gagcagcgct tctgccagca gtgcagcagg ttccaccagc tgcctgaatt cgaccagcta 420

```
aagaagagct gccgcaaacg cctcgcaggc cacaacgagc gccggaggag gccgccgcct    480
ggacccccttg cgtcacgata cggccgtcac gctgcgtcgc tcggcgagcc cggcaggctc   540
agaagcttca tgctggattt ctcgtacccg agggtctcaa gcgccatgag gggtgggttt    600
cccgcggtga gggccggtgg tgaaagggtg cctggcggga tccagtggca agcgggcttg    660
gatcctcgtc accaccaagg cgcggtcgcg ggatacggcg cccactatgg gagcgagggt    720
ggtagctcgt cgtcggcgag gccgccggtg ttccctggcc cggagctgcc cccaggtgga    780
tgccttgcag gagtccccgc ggactccagc tgtgctctct ctcttctgtc aactcagcca    840
tgggatgctg cccacagcca cagccacagc cacgctgcgc caacagcggg tttcgacggc    900
ggcagccctg tggcgccctc cctcatggcg gcgagtagct acatcgcgcc gagcccctgg    960
accgagaccg actcctgggg ccacgaaggc gggcggagcg tgcctcagct gccacctgac   1020
gacgtccccc tcggcgaggt gcactccggc tcgagcagcc accacggcca gttctcaggt   1080
gagctcgagc tcgccctgca gggaaacagg ccagcgccag ggtcggcggc accgccagcg   1140
ccgcgcaata atcagggctc cgcgggcacg ttcgaccagg ctggcaacac gatggactgg   1200
tcgctctag                                                           1209
```

<210> 261
<211> 402
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 261

```
Met Glu Ser Gly Gly Gly Gly Asp Asp Gln Leu His Gly Leu Lys Phe
1               5                   10                  15

Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Ala Ala Gly Ser Ser Ser Gly Ser
            20                  25                  30

Ser Ser Gly Gly Gly Ser Ala Pro Ala Pro Pro Ala Thr Gln Gln Pro
        35                  40                  45

Ser Pro Pro Ala Ala Ser Pro Arg Ala Pro Ala Gly Gly Gly Arg Arg
    50                  55                  60

Gly Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Gly Pro Ser Thr Ala Pro Ala Pro
65                  70                  75                  80

Ala Arg Cys Gln Val Asp Gly Cys Asn Val Asp Leu Thr Asp Val Lys
                85                  90                  95

Pro Ala Tyr Tyr Cys Arg His Lys Val Cys Lys Met His Ser Lys Glu
            100                 105                 110

Pro Arg Val Leu Val Asn Gly Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys
```

115 120 125

Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Gln Leu Lys Lys Ser Cys
130 135 140

Arg Lys Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Arg Pro Pro Pro
145 150 155 160

Gly Pro Leu Ala Ser Arg Tyr Gly Arg His Ala Ala Ser Leu Gly Glu
165 170 175

Pro Gly Arg Leu Arg Ser Phe Met Leu Asp Phe Ser Tyr Pro Arg Val
180 185 190

Ser Ser Ala Met Arg Gly Gly Phe Pro Ala Val Arg Ala Gly Gly Glu
195 200 205

Arg Val Pro Gly Gly Ile Gln Trp Gln Ala Gly Leu Asp Pro Arg His
210 215 220

His Gln Gly Ala Val Ala Gly Tyr Gly Ala His Tyr Gly Ser Glu Gly
225 230 235 240

Gly Ser Ser Ser Ser Ala Arg Pro Pro Val Phe Pro Gly Pro Glu Leu
245 250 255

Pro Pro Gly Gly Cys Leu Ala Gly Val Pro Ala Asp Ser Ser Cys Ala
260 265 270

Leu Ser Leu Leu Ser Thr Gln Pro Trp Asp Ala Ala His Ser His Ser
275 280 285

His Ser His Ala Ala Pro Thr Ala Gly Phe Asp Gly Gly Ser Pro Val
290 295 300

Ala Pro Ser Leu Met Ala Ala Ser Ser Tyr Ile Ala Pro Ser Pro Trp
305 310 315 320

Thr Glu Thr Asp Ser Trp Gly His Glu Gly Gly Arg Ser Val Pro Gln
325 330 335

Leu Pro Pro Asp Asp Val Pro Leu Gly Glu Val His Ser Gly Ser Ser
340 345 350

Ser His His Gly Gln Phe Ser Gly Glu Leu Glu Leu Ala Leu Gln Gly
355 360 365

Asn Arg Pro Ala Pro Gly Ser Ala Ala Pro Pro Ala Pro Arg Asn Asn
370 375 380

Gln Gly Ser Ala Gly Thr Phe Asp Gln Ala Gly Asn Thr Met Asp Trp
385 390 395 400

Ser Leu

<210> 262
<211> 1137
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 262

```
atggcgaccg gcggcggcag cagcaggagc gacgacgtgc gcgggctcaa gtttggcaag      60
aagatctact tcgagcagga cggcgggagc gggagcgggg cgggggcggt gggcggcagg     120
aaggggaagg gcgtggccac cggtggcgcg aggccggcgt ccgccgcctc cgcagcccag     180
ccgccgaggt gccaggtgga cgggtgcggc gtggatctga gcgccgtcaa gcagtactac     240
tgccggcaca aggtgtgcaa catgcactcc aaggagccgc gcgtcttcgt cgccggcatc     300
gagcagcgct tctgccaaca gtgcagcagg ttccaccagc tacatgaatt tgaccaaggg     360
aaacgtagct gccgccgccg cctcatcggt cacaacgagc gccggaggaa gccaccacct     420
ggacctctca cttcacgata tggccggctc gctgcatcac ttcaagagcc tggcaggttc     480
agaagcttcc tgctcgactt ctcgtaccca agggttccaa gcagcgtgag ggatgcgtgg     540
ccaggaatcc agcacggtgg cgacaggatg ctgggcaccg tccagtggca tgggcaccaa     600
gaacctcctc acccacaccg cagtgcagct gctggctatg gcaaccatgc tgcatacaac     660
tgccatggcg gcttggtagc aggcggggcc ccaatgctct cctctgccgc ctttgagctc     720
ccgcctggcg gatgtgtcgc gggagttgcc gccgactcca gctgtgctct ctctcttctg     780
tcaactcagc catgggacac gacctcccac gaccaccggt ccccagcaat gcccgcggcc     840
ggcgccttcg acggcacccc ggtggcgccg tccgtcatgg cgagcagcta cgcggcgtcg     900
agcgcctgga cgggctcgcg ggaccccgct gccgacggcg ccaggaacgc gcagcgtctc     960
gacgatgctc tgcacctggt ccacccaggc tccgcggcgg tccacttctc cggcgagctc    1020
gagctcgccc tgcagggaag cggcgggccg ccacacctgc cgcgcgtcga ccatggcggc    1080
tccggcggcg gcaccttcaa ccattccacc accagcgcga tgaactggtc cctgtag       1137
```

<210> 263
<211> 378
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 263

```
Met Ala Thr Gly Gly Gly Ser Ser Arg Ser Asp Asp Val Arg Gly Leu
1               5                   10                  15
```

Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Gln Asp Gly Gly Ser Gly Ser
20 25 30

Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Arg Lys Gly Lys Gly Val Ala Thr Gly
35 40 45

Gly Ala Arg Pro Ala Ser Ala Ala Ser Ala Ala Gln Pro Pro Arg Cys
50 55 60

Gln Val Asp Gly Cys Gly Val Asp Leu Ser Ala Val Lys Gln Tyr Tyr
65 70 75 80

Cys Arg His Lys Val Cys Asn Met His Ser Lys Glu Pro Arg Val Phe
85 90 95

Val Ala Gly Ile Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His
100 105 110

Gln Leu His Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu
115 120 125

Ile Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro Pro Pro Gly Pro Leu Thr
130 135 140

Ser Arg Tyr Gly Arg Leu Ala Ala Ser Leu Gln Glu Pro Gly Arg Phe
145 150 155 160

Arg Ser Phe Leu Leu Asp Phe Ser Tyr Pro Arg Val Pro Ser Ser Val
165 170 175

Arg Asp Ala Trp Pro Gly Ile Gln His Gly Gly Asp Arg Met Leu Gly
180 185 190

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

Ala Ala Ala Gly Tyr Gly Asn His Ala Ala Tyr Asn Cys His Gly Gly
210 215 220

Leu Val Ala Gly Gly Ala Pro Met Leu Ser Ser Ala Ala Phe Glu Leu
225 230 235 240

Pro Pro Gly Gly Cys Val Ala Gly Val Ala Ala Asp Ser Ser Cys Ala
245 250 255

Leu Ser Leu Leu Ser Thr Gln Pro Trp Asp Thr Thr Ser His Asp His
260 265 270

Arg Ser Pro Ala Met Pro Ala Ala Gly Ala Phe Asp Gly Thr Pro Val
275 280 285

Ala Pro Ser Val Met Ala Ser Ser Tyr Ala Ala Ser Ser Ala Trp Thr
290 295 300

Gly Ser Arg Asp Pro Ala Ala Asp Gly Ala Arg Asn Ala Gln Arg Leu
305 310 315 320

Asp Asp Ala Leu His Leu Val His Pro Gly Ser Ala Ala Val His Phe
325 330 335

Ser Gly Glu Leu Glu Leu Ala Leu Gln Gly Ser Gly Gly Pro Pro His
340 345 350

Leu Pro Arg Val Asp His Gly Gly Ser Gly Gly Gly Thr Phe Asn His
355 360 365

Ser Thr Thr Ser Ala Met Asn Trp Ser Leu
370 375

<210> 264
<211> 403
<212> ADN
<213> Sorghum propinquum

<400> 264

atggagtccg gtggcgccag tggcggcggc ggcggggacg accagctgca cggcctcaag 60

ttcggcaaga agatctactt cgaggacgcc gccgcggtcg gctccagcag cggtggcggt 120

ggcggtggca gtggcagtgc tagcgcgacc cccgcgcctc cagcgacgca gcagccgtcc 180

ccgccgcagg ccgcttcgcc cagggcagcc agcggcggcg gcggcaggag gggcagggcc 240

gcgggcggcc cctccccggc gcccgcgccc gcgcgctgcc aggtcgacgg ctgcaacgtg 300

gacctcaccg acgtcaagcc ctactactgc cgccacaagg tctgcaaaat gcactccaag 360

gagccccgcg tcgtcgtcaa cggcctcgag cagcgcttct gcc 403

<210> 265
<211> 134
<212> PRT
<213> Sorghum propinquum

<400> 265

Met Glu Ser Gly Gly Ala Ser Gly Gly Gly Gly Gly Asp Asp Gln Leu
1 5 10 15

His Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Ala Ala Ala
20 25 30

Val Gly Ser Ser Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Ser Ala Ser

35 40 45

Ala Thr Pro Ala Pro Pro Ala Thr Gln Gln Pro Ser Pro Pro Gln Ala
50 55 60

Ala Ser Pro Arg Ala Ala Ser Gly Gly Gly Gly Arg Arg Gly Arg Ala
65 70 75 80

Ala Gly Gly Pro Ser Pro Ala Pro Ala Pro Ala Arg Cys Gln Val Asp
85 90 95

Gly Cys Asn Val Asp Leu Thr Asp Val Lys Pro Tyr Tyr Cys Arg His
100 105 110

Lys Val Cys Lys Met His Ser Lys Glu Pro Arg Val Val Val Asn Gly
115 120 125

Leu Glu Gln Arg Phe Cys
130

<210> 266
<211> 732
<212> ADN
<213> Allium cepa

<400> 266

atggaaatgg gttcgagctc tgagccaatt tctgactctc tcgatgggct cacattcggc 60
gaaaaaattt actttgaaga ttccactacc agtactgcaa gtactactag caatacaatt 120
gctgctcctc ccaaaaaggg aaaatcttta gcttcttcgt ccactaatat caactctaat 180
cagcaacaaa taagcatacc tagatgccag gttgaaggat gcaaagttga tttgactgga 240
gctaaagcct attactgcag gcataaggtt tgcggagttc attcaaaatc accaaaagtt 300
gtggttgctg gaattgaaca gaggttttgt cagcagtgca gcaggttcca ccagttgcaa 360
gaatttgacc aaggaaaaag aagctgccgc agacgcctag ctggacacaa tgagcgtcgt 420
agaaagccgc ctccaggccc ttcccgttat ggaaggatgt catcatctgt ctatgatggc 480
agtaacagat tcagaggatt cctgatggac ttcagttacc cgaggcccat acagcctcct 540
ccaggagatc atctatggcc tagactgtcc aacattccat catacccagc aaacccaaac 600
actgcatcta acattcatgt tgctcaaccg tacatgcatg caatgaatca ctacagttcc 660
gagcttccac acaggaatac atggtctggc gtctgcgact tgagctgtgc tctctctctt 720
ctgtcactca ac 732

<210> 267
<211> 244
<212> PRT
<213> Allium cepa

<400> 267

Met Glu Met Gly Ser Ser Ser Glu Pro Ile Ser Asp Ser Leu Asp Gly
1 5 10 15

Leu Thr Phe Gly Glu Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Ser Thr Thr Ser Thr
20 25 30

Ala Ser Thr Thr Ser Asn Thr Ile Ala Ala Pro Pro Lys Lys Gly Lys
35 40 45

Ser Leu Ala Ser Ser Ser Thr Asn Ile Asn Ser Asn Gln Gln Gln Ile
50 55 60

Ser Ile Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Val Asp Leu Thr Gly
65 70 75 80

Ala Lys Ala Tyr Tyr Cys Arg His Lys Val Cys Gly Val His Ser Lys
85 90 95

Ser Pro Lys Val Val Val Ala Gly Ile Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln
100 105 110

Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Gln Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg Ser
115 120 125

Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro Pro
130 135 140

Pro Gly Pro Ser Arg Tyr Gly Arg Met Ser Ser Ser Val Tyr Asp Gly
145 150 155 160

Ser Asn Arg Phe Arg Gly Phe Leu Met Asp Phe Ser Tyr Pro Arg Pro
165 170 175

Ile Gln Pro Pro Pro Gly Asp His Leu Trp Pro Arg Leu Ser Asn Ile
180 185 190

Pro Ser Tyr Pro Ala Asn Pro Asn Thr Ala Ser Asn Ile His Val Ala
195 200 205

Gln Pro Tyr Met His Ala Met Asn His Tyr Ser Ser Glu Leu Pro His
210 215 220

Arg Asn Thr Trp Ser Gly Val Cys Asp Leu Ser Cys Ala Leu Ser Leu
225 230 235 240

Leu Ser Leu Asn

<210> 268
<211> 969
<212> ADN
<213> Antirrhinum majus

<400> 268

```
tcagctgctg gtggagcaga ggaatctctc aatgggttga agtttggcaa gaaaatatac     60
tttgaggagg ctaaggcaaa gaaagggaag agtaccggtg gggtggttag gtgccaggtg    120
gaggggtgtg aggtagatct gagtgatgct aaggcttact atttgagaca caaagtttgt    180
agtatgcatt caaagtctcc aaaggtcatt gttgctggaa tagaacaaag gttttgccag    240
cagtgcagca ggttccatca attgcctgaa tttgaccaag gaaaacggag ttgccgcaga    300
cgccttgcag gccacaacga acgtcggagg aagccatctc caggatctat gatgtctcct    360
tactatggaa gtctttctcc aaccttattt gataaccaaa atagaactgg aggctttttg    420
atggacttca gcacttaccc aaatctcgct gggaaagatt catggccaaa tacaataccc    480
gaacgaggat tgggaggtcc agcaagtcca tggcagagcg acatgcaaaa tcctgtacct    540
gagtttttgc gaggtacaac aaataggcca agtttttctg gtcttggagt atcttccgaa    600
gaatgtttta gcggagtctc taattccagc actgctctct ctcttctgtc aaatcagtcc    660
tggggctcca gaaactcgaa caattttctt ggtaccaatg gaaacgggcc aaccatagtt    720
cagccgtcta ttaaccctgg tgccacaatt ggacagttta cctgtccctc ttggggtttt    780
ggaggcaacc cagctgataa cacctcccat gatatgcctc ccaatctgaa tttaggacaa    840
ttttctcact ccagtaacag tcactatact ggagagcctg gggtagtcca actgagccac    900
ggacaattcc aggacctcga tcactcaaga ggctatgatt cttccgttca ggacatgcat    960
tggtcactt                                                            969
```

<210> 269
<211> 323
<212> PRT
<213> Antirrhinum majus

<400> 269

```
Ser Ala Ala Gly Gly Ala Glu Glu Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe Gly
1               5                   10                  15

Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Glu Ala Lys Ala Lys Lys Gly Lys Ser Thr
            20                  25                  30

Gly Gly Val Val Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Glu Val Asp Leu Ser
        35                  40                  45

Asp Ala Lys Ala Tyr Tyr Leu Arg His Lys Val Cys Ser Met His Ser
    50                  55                  60
```

Lys Ser Pro Lys Val Ile Val Ala Gly Ile Glu Gln Arg Phe Cys Gln
65 70 75 80

Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg
85 90 95

Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro
100 105 110

Ser Pro Gly Ser Met Met Ser Pro Tyr Tyr Gly Ser Leu Ser Pro Thr
115 120 125

Leu Phe Asp Asn Gln Asn Arg Thr Gly Gly Phe Leu Met Asp Phe Ser
130 135 140

Thr Tyr Pro Asn Leu Ala Gly Lys Asp Ser Trp Pro Asn Thr Ile Pro
145 150 155 160

Glu Arg Gly Leu Gly Gly Pro Ala Ser Pro Trp Gln Ser Asp Met Gln
165 170 175

Asn Pro Val Pro Glu Phe Leu Arg Gly Thr Thr Asn Arg Pro Ser Phe
180 185 190

Ser Gly Leu Gly Val Ser Ser Glu Glu Cys Phe Ser Gly Val Ser Asn
195 200 205

Ser Ser Thr Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Ser Trp Gly Ser Arg
210 215 220

Asn Ser Asn Asn Phe Leu Gly Thr Asn Gly Asn Gly Pro Thr Ile Val
225 230 235 240

Gln Pro Ser Ile Asn Pro Gly Ala Thr Ile Gly Gln Phe Thr Cys Pro
245 250 255

Ser Trp Gly Phe Gly Gly Asn Pro Ala Asp Asn Thr Ser His Asp Met
260 265 270

Pro Pro Asn Leu Asn Leu Gly Gln Phe Ser His Ser Ser Asn Ser His
275 280 285

Tyr Thr Gly Glu Pro Gly Val Val Gln Leu Ser His Gly Gln Phe Gln
290 295 300

Asp Leu Asp His Ser Arg Gly Tyr Asp Ser Ser Val Gln Asp Met His
305 310 315 320

Trp Ser Leu

<210> 270
<211> 633
<212> ADN
<213> Brassica napus

<400> 270

```
gacttggaga aaagaagttg tagaagacgt ctagcttgtc ataacgaaag aagaagaaag     60
ccccaagcaa caacagcagc tcttttggct tctggttact ctagaatcgc tccatctctt    120
tacggaagcg ttttgggaga tcctacaacg tggtcaaccg caagatctgt gatgggacgg    180
tccgcaccgt gggatagcca tcaactgatg aacgttttgt cacagggaag ttcaaggttt    240
agtataacat acccagagat ggtgaacaat aatagcacag actcaagctg tgctctctct    300
cttctgtcaa actcaaacac aactcagcag cagcagcaga catcaaccaa tgcttacttg    360
atggacgcag aaagggttac aatggctaag tcaccgcctg tttcagtaca caatcagtac    420
tcgaaacaaa cctgggagtt catgtcaggc gaaaagagca attggccttg tgtgtcgtcc    480
cctgttttgg gactgagaca aatctctgag ccagatgatg acctccagtt cctgatgagc    540
aatggcacca caatgggtgg attcgagctg aacctacagc aggagcaggt tctgaggcaa    600
tactcttcta ctcaaaattt tacttggcct ctt                                 633
```

<210> 271
<211> 211
<212> PRT
<213> Brassica napus

<400> 271

```
Asp Leu Glu Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Cys His Asn Glu
1               5                   10                  15

Arg Arg Arg Lys Pro Gln Ala Thr Thr Ala Ala Leu Leu Ala Ser Gly
            20                  25                  30

Tyr Ser Arg Ile Ala Pro Ser Leu Tyr Gly Ser Val Leu Gly Asp Pro
        35                  40                  45

Thr Thr Trp Ser Thr Ala Arg Ser Val Met Gly Arg Ser Ala Pro Trp
    50                  55                  60

Asp Ser His Gln Leu Met Asn Val Leu Ser Gln Gly Ser Ser Arg Phe
65                  70                  75                  80

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

Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Ser Asn Thr Thr Gln Gln Gln Gln
            100                 105                 110
```

Gln Thr Ser Thr Asn Ala Tyr Leu Met Asp Ala Glu Arg Val Thr Met
115 120 125

Ala Lys Ser Pro Pro Val Ser Val His Asn Gln Tyr Ser Lys Gln Thr
130 135 140

Trp Glu Phe Met Ser Gly Glu Lys Ser Asn Trp Pro Cys Val Ser Ser
145 150 155 160

Pro Val Leu Gly Leu Arg Gln Ile Ser Glu Pro Asp Asp Asp Leu Gln
165 170 175

Phe Leu Met Ser Asn Gly Thr Thr Met Gly Gly Phe Glu Leu Asn Leu
180 185 190

Gln Gln Glu Gln Val Leu Arg Gln Tyr Ser Ser Thr Gln Asn Phe Thr
195 200 205

Trp Pro Leu
210

<210> 272
<211> 852
<212> ADN
<213> Saccharum officinarum

<400> 272

ctcgtcgtca acggcctcga gcagcgcttc tgccagcagt gcagcaggtt ccaccagctg 60
cctgaatttg accaactaaa gaaaagctgc cgcagacgtc ttgcaggcca caatgaacgc 120
cggaggaggc cacctcctgg acctcttgca tcacgatatg gtcgccttgc tgcatcattt 180
ggtgagcccg gcaggttccg aagctttatg ttggatttct catacccaag ggttccaggc 240
accatgaggg atgggtttcc ggcagttcga cctggcgaaa gggtgcctgg tagtatccag 300
tggcaagcgg gcttagatcc tcatcatcat caaagcgcgg tcgcaggata cggtgcccac 360
tcatatggga gccagggtag ctcgtcgtcg tcaaggccac cggtgttccc tggtccagag 420
ctccccccag gtggatgtct tgcaggagtc ccctcggact ctagctgtgc tctctctctt 480
ctgtcaactc agccatggga tactacccac agcgccggcc acagccatgc tggatcaatg 540
cctgcaacag caggttttga cggcaaccct gtggcaccct ccctcatggc gagtagctac 600
attgcgccaa gcccctggac tgactcccgg ggccatgaag gcgggcggaa cgtgcctcag 660
ttgccacctg acgtcccccct cagcgaggtg cactctggct caagcagcca tcacggccag 720
ttctcaggtg agctcgagct tgccctgcag ggaaacaggc cagcaccagg gtcagcgcca 780
gcgccgcgca atgatcaggg ctccacgggc acgttcgacc agtccggcaa cacaatggac 840
tggtcgctct ag 852

<210> 273
<211> 283
<212> PRT
<213> Saccharum officinarum

<400> 273

Leu Val Val Asn Gly Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg
1 5 10 15

Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Gln Leu Lys Lys Ser Cys Arg Arg
20 25 30

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

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

Arg Phe Arg Ser Phe Met Leu Asp Phe Ser Tyr Pro Arg Val Pro Gly
65 70 75 80

Thr Met Arg Asp Gly Phe Pro Ala Val Arg Pro Gly Glu Arg Val Pro
85 90 95

Gly Ser Ile Gln Trp Gln Ala Gly Leu Asp Pro His His His Gln Ser
100 105 110

Ala Val Ala Gly Tyr Gly Ala His Ser Tyr Gly Ser Gln Gly Ser Ser
115 120 125

Ser Ser Ser Arg Pro Pro Val Phe Pro Gly Pro Glu Leu Pro Pro Gly
130 135 140

Gly Cys Leu Ala Gly Val Pro Ser Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu
145 150 155 160

Leu Ser Thr Gln Pro Trp Asp Thr Thr His Ser Ala Gly His Ser His
165 170 175

Ala Gly Ser Met Pro Ala Thr Ala Gly Phe Asp Gly Asn Pro Val Ala
180 185 190

Pro Ser Leu Met Ala Ser Ser Tyr Ile Ala Pro Ser Pro Trp Thr Asp
195 200 205

Ser Arg Gly His Glu Gly Gly Arg Asn Val Pro Gln Leu Pro Pro Asp
210 215 220

Val Pro Leu Ser Glu Val His Ser Gly Ser Ser Ser His His Gly Gln
225 230 235 240

Phe Ser Gly Glu Leu Glu Leu Ala Leu Gln Gly Asn Arg Pro Ala Pro
245 250 255

Gly Ser Ala Pro Ala Pro Arg Asn Asp Gln Gly Ser Thr Gly Thr Phe
260 265 270

Asp Gln Ser Gly Asn Thr Met Asp Trp Ser Leu
275 280

<210> 274
<211> 647
<212> ADN

<213> Festuca arundinacea

<400> 274

```
ggcacgaggg tggatctgag cggctccaag acctactact gccgccacaa ggtctgctcc     60
atgcactcca aggcgccccg cgtcgtcgtc gccggcctcg agcagcgctt ctgccagcag    120
tgcagcaggt tccaccagtt gcctgaattt gacaatggaa aacgcagctg ccgcagacgt    180
ctcgcaggtc acaatgaacg ccgtaggaag ccgcctcctg gccctctggc gtcacgctat    240
ggccgactcg ctgcatcctt tgaagaaccg ggcaggtaca gaagctttct gttagatttc    300
tcctacccaa gggttccgag cagcgtgcgg gatgcttggc ctgcagttcg accaggctac    360
cgtatgccca gtgaaatcca gtggcaaggg aacctagacc tgcgtcctca cacgggttat    420
ggcccacatg catatggcag ccacggcttc cccggtccag agctccctcc aggcgggtgt    480
ctcacagggg tcgccaccga ctccagctgt gctctctctc ttctgtcaac tcagccatgg    540
gataccacca cccacggtgc cagccacgac catcggtctg cggccatgtc cgcggccgcg    600
ggcttcgacg gcagccctgc ggcagtgtca ccctccatca tggcgag                  647
```

<210> 275
<211> 215
<212> PRT
<213> Festuca arundinacea

<400> 275

```
Gly Thr Arg Val Asp Leu Ser Gly Ser Lys Thr Tyr Tyr Cys Arg His
1               5                   10                  15

Lys Val Cys Ser Met His Ser Lys Ala Pro Arg Val Val Val Ala Gly
            20                  25                  30

Leu Glu Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro
        35                  40                  45

Glu Phe Asp Asn Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His
```

50 55 60

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

Gly Arg Leu Ala Ala Ser Phe Glu Glu Pro Gly Arg Tyr Arg Ser Phe
85 90 95

Leu Leu Asp Phe Ser Tyr Pro Arg Val Pro Ser Ser Val Arg Asp Ala
100 105 110

Trp Pro Ala Val Arg Pro Gly Tyr Arg Met Pro Ser Glu Ile Gln Trp
115 120 125

Gln Gly Asn Leu Asp Leu Arg Pro His Thr Gly Tyr Gly Pro His Ala
130 135 140

Tyr Gly Ser His Gly Phe Pro Gly Pro Glu Leu Pro Pro Gly Gly Cys
145 150 155 160

Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser
165 170 175

Thr Gln Pro Trp Asp Thr Thr Thr His Gly Ala Ser His Asp His Arg
180 185 190

Ser Ala Ala Met Ser Ala Ala Ala Gly Phe Asp Gly Ser Pro Ala Ala
195 200 205

Val Ser Pro Ser Ile Met Ala
210 215

<210> 276
<211> 11
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> motivo1

<220>
<221> VARIANTE
<222> (1)..(1)
<223> /sustituir = "Thr"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (3)..(3)
<223> /sustituir = "Arg" /sustituir = "Met" /sustituir = "Gln"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (6)..(6)
<223> /sustituir = "Gln" /sustituir = "Arg"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (7)..(7)
<223> /sustituir = "Arg" /sustituir = "Glu"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (8)..(8)
<223> /sustituir = "Val"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (11)..(11)
<223> /sustituir = "Gly"

<400> 276

```
Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu
1               5                   10
```

<210> 277
<211> 78
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Dominio de unión a ADN (DBD) de SPL del factor de transcripción Arath_SPL15

<400> 277

```
Thr Ala Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Arg Met Asp Leu Ser Asn Val
1               5                   10                  15

Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Cys Ile His Ser Lys Ser
            20                  25                  30

Ser Lys Val Ile Val Ser Gly Leu His Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys
        35                  40                  45

Ser Arg Phe His Gln Leu Ser Glu Phe Asp Leu Glu Lys Arg Ser Cys
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Leu Ala Cys His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro
65                  70                  75
```

<210> 278
<211> 11
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> motivo2

<220>
<221> VARIANTE
<222> (3)..(3)
<223> /sustituir = "Asn" /sustituir = "Thr"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (4)..(4)
<223> /sustituir = "Gly" /sustituir = "Arg"

<220>
<221> VARIANTE
<222> (11)..(11)
<223> /sustituir = "Thr"

<400> 278

Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn
1 5 10

<210> 279
<211> 1130
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 279

catgcggcta atgtagatgc tcactgcgct agtagtaagg tactccagta cattatggaa 60
tatacaaagc tgtaatactc gtatcagcaa gagagaggca cacaagttgt agcagtagca 120
caggattaga aaaacgggac gacaaatagt aatggaaaaa caaaaaaaaa caaggaaaca 180
catggcaata taaatggaga aatcacaaga ggaacagaat ccgggcaata cgctgcgaaa 240
gtactcgtac gtaaaaaaaa gaggcgcatt catgtgtgga cagcgtgcag cagaagcagg 300
gatttgaaac cactcaaatc caccactgca aaccttcaaa cgaggccatg gtttgaagca 360
tagaaagcac aggtaagaag cacaacgccc tcgctctcca ccctcccacc caatcgcgac 420
gcacctcgcg gatcggtgac gtggcctcgc cccccaaaaa tatcccgcgg cgtgaagctg 480
acaccccggg cccacccacc tgtcacgttg gcacatgttg gttatggttc ccggccgcac 540
caaaatatca acgcggcgcg gcccaaaatt tccaaaatcc cgcccaagcc cctggcgcgt 600
gccgctcttc cacccaggtc cctctcgtaa tccataatgg cgtgtgtacc ctcggctggt 660
tgtacgtggg cgggttaccc tgggggtgtg ggtggatgac gggtgggccc ggaggaggtc 720
cggccccgcg cgtcatcgcg gggcggggtg tagcgggtgc gaaaaggagg cgatcggtac 780
gaaaattcaa attaggaggt ggggggcggg gcccttggag aataagcgga atcgcagata 840
tgcccctgac ttggcttggc tcctcttctt cttatccctt gtcctcgcaa ccccgcttcc 900
ttctctcctc tcctcttctc ttctcttctc tggtggtgtg ggtgtgtccc tgtctcccct 960
ctccttcctc ctctcctttc ccctcctctc ttccccccctc tcacaagaga gagagcgcca 1020
gactctcccc aggtgaggtg agaccagtct ttttgctcga ttcgacgcgc ctttcacgcc 1080
gcctcgcgcg gatctgaccg cttccctcgc ccttctcgca ggattcagcc 1130

<210> 280
<211> 56
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> cebador: prm07277

<400> 280

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgga gttgttaatg tgttcg 56

<210> 281
<211> 51
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador: prm07278

<400> 281

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt gatgaagatc ttaaaaggtg a 51

<210> 282
<211> 1110
<212> ADN
<213> Brassica rapa

<400> 282

```
atggataggg gttccaactc gggtcttggt cttggtccag gccagacaga gtcgggtggt      60
tcatccactg agtcatcctc tttaagtgga gggctcatgt ttggccagag gatctacttc     120
gaggacgctg gaggtggaac cgggtcttct tcctccggcg ggtcaaacag aagggtacgt     180
ggaagcgggt cgggtccttc gggtcagata ccaaggtgtc aagtggaagg ttgtggaatg     240
gatctaacca atgcaaaggg ttattacacg aggcatagag tttgtggaat gcactctaaa     300
acaccaaaag tcattgtcgc tggtatagaa caaaggtttt gtcaacagtg cagcaggttt     360
catcagcttc cggaatttga cctagagaaa aggagttgcc gtaggagact cgctggtcat     420
aatgagagac gaaggaagcc acagcctgcg tctctatctg tgttgtcttc tcgttatggg     480
aggatcactc cttctctata cggaaatggt gaaactacaa tgaatgggag ctttcttggt     540
tcccaagaaa tgggttggaa tagtgcaaga acgttggata caagagtgat gagacggcca     600
ccgtcgtggc agatcaatcc tatgaatgtg tttagtcatg gatcagtaag tggaggagga     660
ggaggaggga taagcttctc atctccagag attatggaca ctaaaccaga gagctacaag     720
ggaattggca gcgactcaaa ctgtgctctc tctcttctgt caaacccaca tcagccacat     780
gacaacaaca acagcaacaa cacatggaga acttcttcgg gttttggtcc gatgacggtt     840
acaatggctc agccaccacc tgcacctagc cagcagcatc agtatctgaa cccgccttgg     900
gtattcaagg acgatgataa tagctgtccg aatgatatgt ctcctgtttt gaatcttggt     960
cggttcaccg agacagagat aagcggtgga acgactttgg gtgagttcga gttatctgac    1020
catcatcatc agaataggag gcagtacatg gaaagtgaga acacaagggc ttatggctct    1080
tcttcacacc ataacaactg gtctctctga                                     1110
```

<210> 283
<211> 369
<212> PRT
<213> Brassica rapa

<400> 283

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

Glu Ser Gly Gly Ser Ser Thr Glu Ser Ser Ser Leu Ser Gly Gly Leu
20 25 30

Met Phe Gly Gln Arg Ile Tyr Phe Glu Asp Ala Gly Gly Gly Thr Gly
35 40 45

Ser Ser Ser Ser Gly Gly Ser Asn Arg Arg Val Arg Gly Ser Gly Ser
50 55 60

Gly Pro Ser Gly Gln Ile Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Gly Met
65 70 75 80

Asp Leu Thr Asn Ala Lys Gly Tyr Tyr Thr Arg His Arg Val Cys Gly
85 90 95

Met His Ser Lys Thr Pro Lys Val Ile Val Ala Gly Ile Glu Gln Arg
100 105 110

Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Leu
115 120 125

Glu Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg
130 135 140

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

Arg Ile Thr Pro Ser Leu Tyr Gly Asn Gly Glu Thr Thr Met Asn Gly
165 170 175

Ser Phe Leu Gly Ser Gln Glu Met Gly Trp Asn Ser Ala Arg Thr Leu
180 185 190

Asp Thr Arg Val Met Arg Arg Pro Pro Ser Trp Gln Ile Asn Pro Met
195 200 205

Asn Val Phe Ser His Gly Ser Val Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ile
210 215 220

Ser Phe Ser Ser Pro Glu Ile Met Asp Thr Lys Pro Glu Ser Tyr Lys
225 230 235 240

Gly Ile Gly Ser Asp Ser Asn Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Pro
245 250 255

His Gln Pro His Asp Asn Asn Asn Ser Asn Asn Thr Trp Arg Thr Ser
260 265 270

Ser Gly Phe Gly Pro Met Thr Val Thr Met Ala Gln Pro Pro Pro Ala
275 280 285

Pro Ser Gln Gln His Gln Tyr Leu Asn Pro Pro Trp Val Phe Lys Asp
290 295 300

Asp Asp Asn Ser Cys Pro Asn Asp Met Ser Pro Val Leu Asn Leu Gly
305 310 315 320

Arg Phe Thr Glu Thr Glu Ile Ser Gly Gly Thr Thr Leu Gly Glu Phe
325 330 335

Glu Leu Ser Asp His His His Gln Asn Arg Arg Gln Tyr Met Glu Ser
340 345 350

Glu Asn Thr Arg Ala Tyr Gly Ser Ser Ser His His Asn Asn Trp Ser
355 360 365

Leu

<210> 284
<211> 1080
<212> ADN
<213> Glycine max

<400> 284

atggcttcag acgccaaact ctcctcttct gagtccctca acggtttgaa attcggccaa 60

aaaatctatt ttgaggatgt tggtcttgct actccagcca cctctcttac ttcttcttct 120

tcttcttctt ctgctgctac tgttacttct tcttcttctt caaggaaagg aagaggtggg 180

tctgttcaac cagctcaacc tcccaggtgt caagttgaag ggtgcaaagt agatctgagt 240

gatgcaaaag cttactattc tagacacaag gtctgtggca tgcactctaa atccccttca 300

gtcattgttg ctggtcttca acaaaggttt tgtcaacagt gtagcaggtt tcatcagctt 360

cctgagtttg atcaaggaaa aagaagttgc cgtaggcgac tagctggcca taatgaacgt 420

cggagaaagc ccccaacaag ctccctctta acctctcgct atgccagact ttcttcgtct 480

gcttttgata atagtggcag aggtagcaac tttctgatgg aattgacttc atacccaaag 540

cttagtctga gaaattcact tccaactcct agatcatctg agctagctcc tggaaatcaa 600

```
acctccacac ttagctggaa tggcaactca gagacatcat ctgacctttt cttgcaaggt     660
tcggtgggtg ggacaagctt cgccagcccg ggacatcctc caggggaaag ttacattggg     720
gtcaccgaca cgagctgtgc tctctctctt ctgtcaaatc aaacatgggg ttctagaaac     780
acagcaccaa gtcttgggtt gagtaacatg ataaatttca acgggacacc cttgacacaa     840
cttgctgcat catctcatgg tgcatcaatc catcaacttc caaatacctc gtggtttttc     900
aagggcattg attctggtaa ctgttcgccc gaggtggtcc ctgatctagg tctcggtcag     960
atttcacagc ctctcaatag ccaacttcat ggtgagctgg acctgtccca acagggcagg    1020
aggcattata tggatctaga acagtccagg gcatatgaat ctgctcattg gtcactttaa    1080
```

<210> 285
<211> 359
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 285

```
Met Ala Ser Asp Ala Lys Leu Ser Ser Ser Glu Ser Leu Asn Gly Leu
1               5                   10                  15

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

Ala Thr Ser Leu Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ala Thr Val
        35                  40                  45

Thr Ser Ser Ser Ser Ser Arg Lys Gly Arg Gly Gly Ser Val Gln Pro
    50                  55                  60

Ala Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Val Asp Leu Ser
65                  70                  75                  80

Asp Ala Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Gly Met His Ser
                85                  90                  95

Lys Ser Pro Ser Val Ile Val Ala Gly Leu Gln Gln Arg Phe Cys Gln
            100                 105                 110

Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Gln Gly Lys Arg
        115                 120                 125

Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg Arg Lys Pro
    130                 135                 140

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

Ala Phe Asp Asn Ser Gly Arg Gly Ser Asn Phe Leu Met Glu Leu Thr
165 170 175

Ser Tyr Pro Lys Leu Ser Leu Arg Asn Ser Leu Pro Thr Pro Arg Ser
180 185 190

Ser Glu Leu Ala Pro Gly Asn Gln Thr Ser Thr Leu Ser Trp Asn Gly
195 200 205

Asn Ser Glu Thr Ser Ser Asp Leu Phe Leu Gln Gly Ser Val Gly Gly
210 215 220

Thr Ser Phe Ala Ser Pro Gly His Pro Pro Gly Glu Ser Tyr Ile Gly
225 230 235 240

Val Thr Asp Thr Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Thr Trp
245 250 255

Gly Ser Arg Asn Thr Ala Pro Ser Leu Gly Leu Ser Asn Met Ile Asn
260 265 270

Phe Asn Gly Thr Pro Leu Thr Gln Leu Ala Ala Ser Ser His Gly Ala
275 280 285

Ser Ile His Gln Leu Pro Asn Thr Ser Trp Phe Phe Lys Gly Ile Asp
290 295 300

Ser Gly Asn Cys Ser Pro Glu Val Val Pro Asp Leu Gly Leu Gly Gln
305 310 315 320

Ile Ser Gln Pro Leu Asn Ser Gln Leu His Gly Glu Leu Asp Leu Ser
325 330 335

Gln Gln Gly Arg Arg His Tyr Met Asp Leu Glu Gln Ser Arg Ala Tyr
340 345 350

Glu Ser Ala His Trp Ser Leu
355

<210> 286
<211> 1128
<212> ADN
<213> Populus tremuloides

<400> 286

atggaaatgg attcaggctc cctaaccgag tcagctactt ccaatgcaac ttctccgcca 60

gctgagtctg ttaatggatt gaaatttggt aagaagattt actttgagga tcacgtgggg 120

gtcggtgctc cggctaagag cggaactggg tcatcctcat ccggttccgg gtcagggtca 180

tctaggaagg ctcaaggtgg acagcaccag cagccaccaa ggtgtcaagt tgaagggtgc 240

```
aaagtagatc tgagtgatgc taagacttac tattcaaggc acaaagtttg tagtatgcac    300
tccaagtctc ctagagttat tgttgctggt ttggtgcaaa gattttgcca gcaatgtagc    360
agatttcatc tacttcctga atttgaccaa ggaaaacgaa gttgccgcag gcgcctagct    420
ggccataatg agcgacggag gaagccacca tctggatcgg tgttgtccgc tcgccatggc    480
cgattctctc cctctttgtt tgataatagc agcagagctg gaggccttct tgtggacttt    540
agtgcatatc caaggcatac tgggagagat ggatggcctg cagcaaggtc ttctgagctt    600
acccccggga atgatactgc tgccacagga aggtctatat ctcatatgtg gcagataagc    660
tcccagaatc ctccatccaa cctttgcttg caaggctcaa ctggcgggac tggccttttc    720
agttcaggaa ttcctccggg agaatgcttc acaggagttg ctgtttcaga ctcgagctgt    780
gctctctctc ttctgtcaaa tcaaccatgg ggctccacaa accgagcatc aagtcttgcg    840
gtgaatgact tgtttagtgc cgaagaggca cccgtggttc aatcaacagc tcaccatggt    900
gcggctgtca atcagtatcc aatcccttgg agcttcaaga gcaatgaagg aagtaacagt    960
tcacatgaga tgtgccctga tctaggtctg ggtcaaattt caatgcctct caacagtcaa   1020
cttgctggtc agctcgagca gtctcaacag aataggaggc aatacatgga cctcgagcat   1080
tccagggctt atgactcttc aacccagcac atccactggt cactttaa                1128
```

<210> 287
<211> 375
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

<400> 287

```
Met Glu Met Asp Ser Gly Ser Leu Thr Glu Ser Ala Thr Ser Asn Ala
1               5                   10                  15

Thr Ser Pro Pro Ala Glu Ser Val Asn Gly Leu Lys Phe Gly Lys Lys
            20                  25                  30

Ile Tyr Phe Glu Asp His Val Gly Val Gly Ala Pro Ala Lys Ser Gly
        35                  40                  45

Thr Gly Ser Ser Ser Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Ser Arg Lys Ala
    50                  55                  60

Gln Gly Gly Gln His Gln Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys
65                  70                  75                  80

Lys Val Asp Leu Ser Asp Ala Lys Thr Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val
                85                  90                  95

Cys Ser Met His Ser Lys Ser Pro Arg Val Ile Val Ala Gly Leu Val
            100                 105                 110
```

Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Leu Leu Pro Glu Phe
115 120 125

Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu
130 135 140

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

Arg Phe Ser Pro Ser Leu Phe Asp Asn Ser Ser Arg Ala Gly Gly Leu
165 170 175

Leu Val Asp Phe Ser Ala Tyr Pro Arg His Thr Gly Arg Asp Gly Trp
180 185 190

Pro Ala Ala Arg Ser Ser Glu Leu Thr Pro Gly Asn Asp Thr Ala Ala
195 200 205

Thr Gly Arg Ser Ile Ser His Met Trp Gln Ile Ser Ser Gln Asn Pro
210 215 220

Pro Ser Asn Leu Cys Leu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ser Ser Gly Ile Pro Pro Gly Glu Cys Phe Thr Gly Val Ala Val Ser
245 250 255

Asp Ser Ser Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Pro Trp Gly Ser
260 265 270

Thr Asn Arg Ala Ser Ser Leu Ala Val Asn Asp Leu Phe Ser Ala Glu
275 280 285

Glu Ala Pro Val Val Gln Ser Thr Ala His His Gly Ala Ala Val Asn
290 295 300

Gln Tyr Pro Ile Pro Trp Ser Phe Lys Ser Asn Glu Gly Ser Asn Ser
305 310 315 320

Ser His Glu Met Cys Pro Asp Leu Gly Leu Gly Gln Ile Ser Met Pro
325 330 335

Leu Asn Ser Gln Leu Ala Gly Gln Leu Glu Gln Ser Gln Gln Asn Arg
340 345 350

Arg Gln Tyr Met Asp Leu Glu His Ser Arg Ala Tyr Asp Ser Ser Thr
355 360 365

Gln His Ile His Trp Ser Leu
370 375

<210> 288
<211> 1059
<212> ADN
<213> Citrus clementina

<400> 288

```
atggaactgg gttcagacta tttggctgaa tcaggtggtg gctccggctc cggctcaggc     60
tccggcttat catccgctga gccatcactt aatggtttga agtttggcaa aaaaatctat    120
tttgaggatg tcggtactgc cggagctcca tttccaggat ctgggtcatc atctgggtcc    180
gggtcagggt caggttcagg gtcagggagg aaggtgaggg gtgttggcgg tggtatggtt    240
actagtgggc agcagccacc aaggtgccaa gtggaggggt gtaaagttga tctgagtgat    300
gccaaagctt actattcaag gcacaaagtt tgtggcatgc attcaaagtc tcctgttgtc    360
actgttgccg gccttgagca gaggttttgc cagcaatgta gcagatttca tcagcttccg    420
gagtttgacc aaggaaaacg aagttgccgc aggcgcctgg caggccataa tgagcgccgg    480
aggaagccaa cttctggacc atttttgggc actcgttatg gcaggctctc ttcctctgtc    540
attgagaaca gcagccaagg tggaggattt ctgatcgact tcagtgcata tcagatggtt    600
ggtgggaggg atggatggcc agtgacaagt gtctccaagc aggtatctgg aaatcaaacc    660
actgtcacag caaggcatct tcctcagcca ctatggcaaa accactctca ggatcctcca    720
cctgatcgtt accttcagtg ttcaacagct gggactggtt tctctggtcc tggaattcct    780
tgtggaggat gcttcacagg agttgctgac tcaaactgtg ctctctctct tctgtcaaat    840
caaccatggg gctctaagaa cccgacaccg ggtcatggag tgggtgactt aatgcatgcc    900
cataccaaat ccgtcactca accagtatcg ccccatggag cagctattaa tcaatatcca    960
aacatgtcat ggggggttca agggcaatgc aacctggtag cagttccaca ccaaatggcc   1020
ccccaaatgg ggtttgggtt caacattccg gcccattaa                          1059
```

<210> 289
<211> 352
<212> PRT
<213> Citrus clementina

<400> 289

```
Met Glu Leu Gly Ser Asp Tyr Leu Ala Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly
1               5                   10                  15

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Leu Ser Ser Ala Glu Pro Ser Leu Asn Gly
            20                  25                  30

Leu Lys Phe Gly Lys Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Val Gly Thr Ala Gly
        35                  40                  45
```

Ala Pro Phe Pro Gly Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Arg Lys Val Arg Gly Val Gly Gly Gly Met Val
65 70 75 80

Thr Ser Gly Gln Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Val
85 90 95

Asp Leu Ser Asp Ala Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Gly
100 105 110

Met His Ser Lys Ser Pro Val Val Thr Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg
115 120 125

Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Gln
130 135 140

Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg
145 150 155 160

Arg Lys Pro Thr Ser Gly Pro Phe Leu Gly Thr Arg Tyr Gly Arg Leu
165 170 175

Ser Ser Ser Val Ile Glu Asn Ser Ser Gln Gly Gly Gly Phe Leu Ile
180 185 190

Asp Phe Ser Ala Tyr Gln Met Val Gly Gly Arg Asp Gly Trp Pro Val
195 200 205

Thr Ser Val Ser Lys Gln Val Ser Gly Asn Gln Thr Thr Val Thr Ala
210 215 220

Arg His Leu Pro Gln Pro Leu Trp Gln Asn His Ser Gln Asp Pro Pro
225 230 235 240

Pro Asp Arg Tyr Leu Gln Cys Ser Thr Ala Gly Thr Gly Phe Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Ile Pro Cys Gly Gly Cys Phe Thr Gly Val Ala Asp Ser Asn
260 265 270

Cys Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Gln Pro Trp Gly Ser Lys Asn Pro
275 280 285

Thr Pro Gly His Gly Val Gly Asp Leu Met His Ala His Thr Lys Ser
290 295 300

Val Thr Gln Pro Val Ser Pro His Gly Ala Ala Ile Asn Gln Tyr Pro
305 310 315 320

Asn Met Ser Trp Gly Val Gln Gly Gln Cys Asn Leu Val Ala Val Pro
325 330 335

His Gln Met Ala Pro Gln Met Gly Phe Gly Phe Asn Ile Pro Ala His
340 345 350

<210> 290
<211> 565
<212> ADN
<213> Beta vulgaris

<400> 290

```
atggatacgg gttcaaatta tccgaccgtt aaggggtcat catcaacctc ttcatcatct     60
gggttgtcgg attctttaaa tgggctgaaa tttgggcaaa aaatatactt tgaagatgtg    120
ggtggtgttg gaacttccgg caagtcttcc gtcgccggaa gtggtggtgc tccggcgaaa    180
agggccggaa aaggggtggt gcaaagtggg caaccaccaa ggtgtcaagt agaagggtgt    240
aagatagatc ttagtgatgc taaaacttat tattctaggc ataaagtttg tggtatgcac    300
tctaaatctt ctgttgttat tgttgctggt cttgagcaac gtttttgcca gcagtgcagc    360
agatttcatc ggcttcctga gtttgaccaa gggaaacgaa gttgtcgcag acgccttgct    420
ggtcataatg agcgtcgaag aaaaccacca cctgggtctt tgttatcatc acgtttggga    480
cgtctctctt catccctttt tggtgataac accggcggaa gtggtggatt cttattggac    540
ttctcttcgt atccacggca ttctg                                          565
```

<210> 291
<211> 188
<212> PRT
<213> Beta vulgaris

<400> 291

```
Met Asp Thr Gly Ser Asn Tyr Pro Thr Val Lys Gly Ser Ser Ser Thr
1               5                   10                  15

Ser Ser Ser Ser Gly Leu Ser Asp Ser Leu Asn Gly Leu Lys Phe Gly
            20                  25                  30

Gln Lys Ile Tyr Phe Glu Asp Val Gly Gly Val Gly Thr Ser Gly Lys
        35                  40                  45

Ser Ser Val Ala Gly Ser Gly Gly Ala Pro Ala Lys Arg Ala Gly Lys
    50                  55                  60

Gly Val Val Gln Ser Gly Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys
65                  70                  75                  80
```

Lys Ile Asp Leu Ser Asp Ala Lys Thr Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val
85 90 95

Cys Gly Met His Ser Lys Ser Ser Val Val Ile Val Ala Gly Leu Glu
100 105 110

Gln Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Arg Leu Pro Glu Phe
115 120 125

Asp Gln Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu
130 135 140

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

Arg Leu Ser Ser Ser Leu Phe Gly Asp Asn Thr Gly Gly Ser Gly Gly
165 170 175

Phe Leu Leu Asp Phe Ser Ser Tyr Pro Arg His Ser
180 185

<210> 292
<211> 536
<212> ADN
<213> Hevea brasiliensis

<400> 292

atggaaatgg gttcgggctc tttgacagag tcaggtacct ccaacgccac ttctccacct 60

gctgagtcaa taaatgggtt gaaatttggc caaaaaatct attttgagaa tgcgggggct 120

aagactccgg ccaaatctgc acccgggtct tcatcttccg ggtccggggc cccgtccagg 180

aaggttcacg gtgggcagca gcagcagcca cccaggtgtc aagttgaggg atgtaaagtg 240

gatctgagtg atgctaaggc ttattattcg aggcacaaag tttgtggtat gcactctaag 300

tctcctaagg tcattgttgc tggtttggag caaagatttt gccagcagtg tagtagattt 360

catcagcttc ctgaatttga ccaaggaaaa cgaagttgcc gcagacgcct agctggtcat 420

aatgaacggc ggaggaagcc accaactgga tcagtgctgt catctcgcta taacagactt 480

ttttcaacaa tttttgataa cagcagccga gctgggggca ttcttgtgga tttcag 536

<210> 293
<211> 177
<212> PRT
<213> Hevea brasiliensis

<400> 293

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

Thr Ser Pro Pro Ala Glu Ser Ile Asn Gly Leu Lys Phe Gly Gln Lys
20 25 30

Ile Tyr Phe Glu Asn Ala Gly Ala Lys Thr Pro Ala Lys Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Ser Ser Gly Ser Gly Ala Pro Ser Arg Lys Val His Gly
50 55 60

Gly Gln Gln Gln Gln Pro Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Val
65 70 75 80

Asp Leu Ser Asp Ala Lys Ala Tyr Tyr Ser Arg His Lys Val Cys Gly
85 90 95

Met His Ser Lys Ser Pro Lys Val Ile Val Ala Gly Leu Glu Gln Arg
100 105 110

Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gln Leu Pro Glu Phe Asp Gln
115 120 125

Gly Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ala Gly His Asn Glu Arg Arg
130 135 140

Arg Lys Pro Pro Thr Gly Ser Val Leu Ser Ser Arg Tyr Asn Arg Leu
145 150 155 160

Phe Ser Thr Ile Phe Asp Asn Ser Ser Arg Ala Gly Gly Ile Leu Val
165 170 175

Asp

<210> 294
<211> 1130
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 294

catgcggcta atgtagatgc tcactgcgct agtagtaagg tactccagta cattatggaa 60

tatacaaagc tgtaatactc gtatcagcaa gagagaggca cacaagttgt agcagtagca 120

caggattaga aaaacgggac gacaaatagt aatggaaaaa caaaaaaaaa caaggaaaca 180

catggcaata taaatggaga aatcacaaga ggaacagaat ccgggcaata cgctgcgaaa 240

gtactcgtac gtaaaaaaaa gaggcgcatt catgtgtgga cagcgtgcag cagaagcagg 300

gatttgaaac cactcaaatc caccactgca aaccttcaaa cgaggccatg gtttgaagca 360

tagaaagcac aggtaagaag cacaacgccc tcgctctcca ccctcccacc caatcgcgac 420

gcacctcgcg gatcggtgac gtggcctcgc cccccaaaaa tatcccgcgg cgtgaagctg 480
acacccccggg cccacccacc tgtcacgttg gcacatgttg gttatggttc ccggccgcac 540
caaaatatca acgcggcgcg gcccaaaatt tccaaaatcc cgcccaagcc cctggcgcgt 600
gccgctcttc cacccaggtc cctctcgtaa tccataatgg cgtgtgtacc ctcggctggt 660
tgtacgtggg cgggttaccc tgggggtgtg ggtggatgac gggtgggccc ggaggaggtc 720
cggccccgcg cgtcatcgcg gggcggggtg tagcgggtgc gaaaaggagg cgatcggtac 780
gaaaattcaa attaggaggt ggggggcggg gcccttggag aataagcgga atcgcagata 840
tgcccctgac ttggcttggc tcctcttctt cttatccctt gtcctcgcaa ccccgcttcc 900
ttctctcctc tcctcttctc ttctcttctc tggtggtgtg ggtgtgtccc tgtctcccct 960
ctccttcctc ctctcctttc ccctcctctc ttcccccctc tcacaagaga gagagcgcca 1020
gactctcccc aggtgaggtg agaccagtct ttttgctcga ttcgacgcgc ctttcacgcc 1080
gcctcgcgcg gatctgaccg cttccctcgg ccttctcgca ggattcagcc 1130

<210> 295
<211> 2194
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 295

aatccgaaaa gtttctgcac cgttttcacc ccctaactaa caatataggg aacgtgtgct 60
aaatataaaa tgagacctta tatatgtagc gctgataact agaactatgc aagaaaaact 120
catccaccta ctttagtggc aatcgggcta aataaaaaag agtcgctaca ctagtttcgt 180
tttccttagt aattaagtgg gaaaatgaaa tcattattgc ttagaatata cgttcacatc 240
tctgtcatga agttaaatta ttcgaggtag ccataattgt catcaaactc ttcttgaata 300
aaaaaatctt tctagctgaa ctcaatgggt aaagagagag atttttttta aaaaaataga 360
atgaagatat tctgaacgta ttggcaaaga tttaaacata taattatata attttatagt 420
ttgtgcattc gtcatatcgc acatcattaa ggacatgtct tactccatcc caatttttat 480
ttagtaatta aagacaattg acttattttt attatttatc ttttttcgat tagatgcaag 540
gtacttacgc acacactttg tgctcatgtg catgtgtgag tgcacctcct caatacacgt 600
tcaactagca acacatctct aatatcactc gcctatttaa tacatttagg tagcaatatc 660
tgaattcaag cactccacca tcaccagacc acttttaata atatctaaaa tacaaaaaat 720
aattttacag aatagcatga aaagtatgaa acgaactatt taggtttttc acatacaaaa 780
aaaaaaagaa ttttgctcgt gcgcgagcgc caatctccca tattgggcac acaggcaaca 840
acagagtggc tgcccacaga acaacccaca aaaaacgatg atctaacgga ggacagcaag 900
tccgcaacaa ccttttaaca gcaggctttg cggccaggag agaggaggag aggcaaagaa 960
aaccaagcat cctccttctc ccatctataa attcctcccc ccttttcccc tctctatata 1020

ggaggcatcc aagccaagaa gagggagagc accaaggaca cgcgactagc agaagccgag 1080
cgaccgcctt ctcgatccat atcttccggt cgagttcttg gtcgatctct tccctcctcc 1140
acctcctcct cacagggtat gtgcctccct tcggttgttc ttggatttat tgttctaggt 1200
tgtgtagtac gggcgttgat gttaggaaag gggatctgta tctgtgatga ttcctgttct 1260
tggatttggg atagaggggt tcttgatgtt gcatgttatc ggttcggttt gattagtagt 1320
atggttttca atcgtctgga gagctctatg gaaatgaaat ggtttaggga tcggaatctt 1380
gcgattttgt gagtaccttt tgtttgaggt aaaatcagag caccggtgat tttgcttggt 1440
gtaataaagt acggttgttt ggtcctcgat tctggtagtg atgcttctcg atttgacgaa 1500
gctatccttt gtttattccc tattgaacaa aaataatcca actttgaaga cggtcccgtt 1560
gatgagattg aatgattgat tcttaagcct gtccaaaatt tcgcagctgg cttgtttaga 1620
tacagtagtc cccatcacga aattcatgga aacagttata atcctcagga acaggggatt 1680
ccctgttctt ccgatttgct ttagtcccag aatttttttt cccaaatatc ttaaaaagtc 1740
actttctggt tcagttcaat gaattgattg ctacaaataa tgcttttata gcgttatcct 1800
agctgtagtt cagttaatag gtaatacccc tatagtttag tcaggagaag aacttatccg 1860
atttctgatc tccattttta attatatgaa atgaactgta gcataagcag tattcatttg 1920
gattattttt tttattagct ctcacccctt cattattctg agctgaaagt ctggcatgaa 1980
ctgtcctcaa ttttgttttc aaattcacat cgattatcta tgcattatcc tcttgtatct 2040
acctgtagaa gtttcttttt ggttattcct tgactgcttg attacagaaa gaaatttatg 2100
aagctgtaat cgggatagtt atactgcttg ttcttatgat tcatttcctt tgtgcagttc 2160
ttggtgtagc ttgccacttt caccagcaaa gttc 2194

REIVINDICACIONES

1. Procedimiento para incrementar el rendimiento en semillas y/o la biomasa aérea en plantas en relación con plantas control adecuadas, que comprende incrementar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción que comprende del extremo N-terminal al extremo C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) al menos 65 % de identidad de secuencia con el DBD de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, en el que el motivo 1 y el motivo 2 tienen permitidos uno o más cambios conservadores en cualquier posición y / o uno, dos o tres cambio(s) no conservadore(s) en cualquier posición y, opcionalmente, la selección de plantas que tienen mayor rendimiento de semillas y / o biomasa aérea.

2. El procedimiento de acuerdo con la reivindicación 1, en el que el polipéptido del factor de transcripción comprende además uno o ambos de lo siguiente: (a) un tramo rico en G / S que precede al DBD del SPL; y (b) el tripéptido W (S / T) L en el extremo C-terminal del polipéptido,

3. El procedimiento de acuerdo con la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en el que dicha expresión aumentada es efectuada por uno o más de: activación de ADN-T, TILLING, mutagénesis dirigida a sitio.

4. El procedimiento de acuerdo con las reivindicaciones 1, 2 o 3, en el que dicha expresión aumentada es efectuada mediante la introducción y expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica dicho polipéptido del factor de transcripción.

5. El procedimiento de acuerdo con la reivindicación 4, en el que dicho ácido nucleico que codifica dicho factor de transcripción es uno cualquiera de las SEC ID Nº de ácido nucleico proporcionadas en la Tabla N o una porción del mismo, o una secuencia capaz de hibridarse con una cualquiera de las SEC ID Nº de los ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla N; y / o en el que dicho ácido nucleico que codifica un factor de transcripción codifica un ortólogo o parálogo de cualquiera de las SEC ID Nº de ácido nucleico proporcionadas en la Tabla N, teniendo dicho ortólogo o parálogo una función equivalente a dicho factor de transcripción en relación con el rendimiento de la planta.

6. Procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en el que dicho rendimiento de semillas aumentado comprende uno o más de: a) aumento del número de flores por planta; c) aumento del peso total de las semillas; d) aumento en el número de semillas (llenas); e) aumento del peso de mil granos (PMG); and f) aumento del índice de recolección.

7. Procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 4 a 6, en el que en el que dicho ácido nucleico está unido operativamente a un promotor constitutivo, preferiblemente a un promotor HMGB (grupo B de alta movilidad) o un promotor GOS2, aún más preferiblemente a un promotor HMGB de arroz o a un promotor GOS2 de arroz.

8. Procedimiento acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en el que dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción es de origen vegetal, preferiblemente de una planta dicotiledónea, aún más preferiblemente de la familia Brassicaceae, más preferiblemente de *Arabidopsis thaliana*.

9. Planta o parte de la misma, incluyendo semillas, obtenible por un procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en la que dicha planta o parte de la misma comprende un ácido nucleico recombinante que codifica un factor de transcripción unido operativamente a un promotor de HMGP o a un promotor GOS2, comprendiendo el polipéptido del factor de transcripción del extremo N-terminal al extemo C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) al menos 65 % de identidad de secuencia con el DBD de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, en el que el motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición, y / o uno, dos o tres cambios no conservadore(s) en cualquier posición.

10. Construcción que comprende:

(a) un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción, comprendiendo el polipéptido del factor de transcripción del extremo N-terminal al extremo C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) al menos 65 % de identidad de secuencia con el DBD de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, en el que el motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición, y / o uno, dos o tres cambios no conservadore(s) en cualquier posición;

(b) un promotor GOS2 o HMGP unido operativamente a, y capaz de dirigir, la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (a); y opcionalmente

(c) una secuencia de terminación de la transcripción.

11. Planta, parte de planta o célula vegetal transformada con una construcción de acuerdo con la reivindicación 10.

12. Procedimiento para la producción de una planta transgénica que tiene un mayor rendimiento de semillas y / o de la biomasa aérea con relación a las plantas de control, en el que el procedimiento comprende:

(a) introducir y expresar un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción en una célula vegetal, comprendiendo el polipéptido del factor de transcripción del extremo N-terminal al extremo C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) al menos 65 % de identidad de secuencia con el DBD de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, en el que el motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición, y / o uno, dos o tres cambios no conservadore(s) en cualquier posición; y

(b) cultivar la célula vegetal en condiciones que estimulan el crecimiento y desarrollo de la planta.

13. Planta transgénica que tiene mayor rendimiento de semillas y / o de la biomasa aérea con relación a las plantas control, resultando dicho aumento en el rendimiento de semillas de una mayor expresión de un ácido nucleico que codifica un factor de transcripción unido operativamente a un promotor de HMGP o a un promotor GOS2, comprendiendo el polipéptido factor de transcripción de N -terminal a C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) al menos 65 % de identidad de secuencia con el DBD de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, en el que el motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición, y / o uno, dos o tres cambios no conservadore(s) en cualquier posición.

14. Planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 9, 11 o 13, en la que dicha planta es una planta de cultivo o una monocotiledónea o un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, triticale, sorgo y avena, o una célula de planta transgénica derivada de dicha planta transgénica; y / o partes cosechables de dicha planta, en la que dichas partes cosechables son preferiblemente semillas; y / o productos derivados de dicha planta y / o a partir de dicha partes cosechables.

15. Uso de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de transcripción que comprende del extremo N-terminal al extremo C-terminal: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 276; y (ii) al menos 65 % de identidad de secuencia con el DBD de SPL representado por la SEC ID Nº 277; y el Motivo 2 como se representa en la SEC ID N°: 278, en el que el motivo 1 y el motivo 2 se permiten uno o más cambios conservadores en cualquier posición y / o uno, dos o tres cambios no conservadores en cualquier posición, para aumentar el rendimiento de semillas y / o la biomasa aérea en una planta con relación a las plantas de control; y / o el uso de una construcción de acuerdo con la reivindicación 10 u 11 para la fabricación de plantas que tienen mayor rendimiento de semillas y / o biomasa aérea, en relación con las plantas de control.

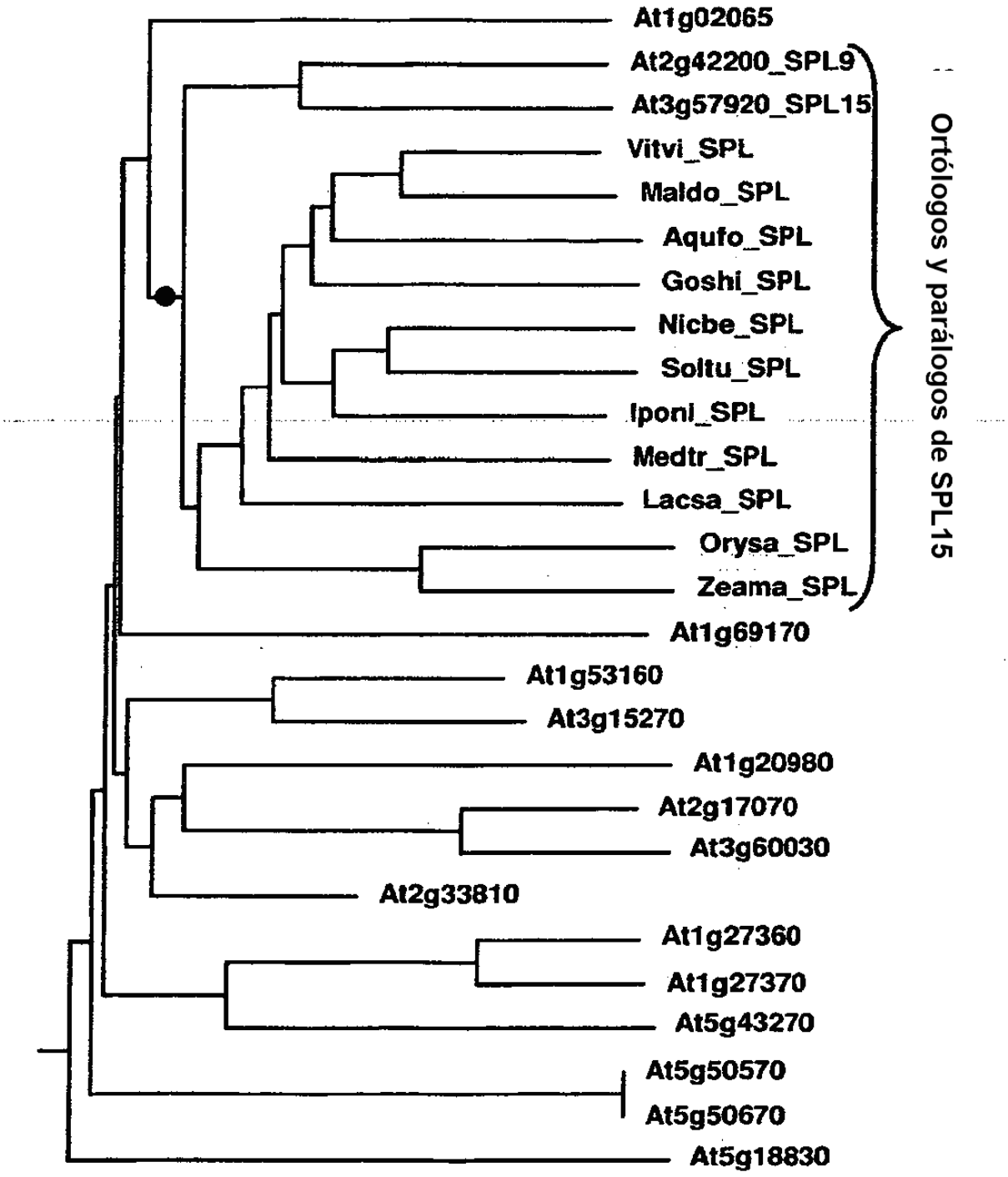
At1g02065
At2g42200_SPL9
At3g57920_SPL15
Vitvi_SPL
Maldo_SPL
Aqufo_SPL
Goshi_SPL
Nicbe_SPL
Soltu_SPL
Iponi_SPL
Medtr_SPL
Lacsa_SPL
Orysa_SPL
Zeama_SPL
At1g69170
At1g53160
At3g15270
At1g20980
At2g17070
At3g60030
At2g33810
At1g27360
At1g27370
At5g43270
At5g50570
At5g50670
At5g18830
Ortólogos y parálogos de SPL15

FIGURA 1

```
Arath_SPL15    (56)  TARCQVEGCRMDLSNVK-AYYSRHKVCCIHSKSSKVIVSGLHQRFCQQCSRFHQLSEFDLEKRSCRRRLACHNERRRKP
Arath_SPL9     (71)  IPRCQVEGCGMDLTNAK-GYYSRHRVCGVHSKTPKVTVAGIEQRFCQQCSRFHQLPEFDLEKRSCRRRLAGHNERRRKP
Goshi_SPL      (86)  PSRCQVEGCKVDLSDAK-AYYSRHKVCCMHSKSSKVIVAGLEQRFCQQCSRFHQLSEFDKGKRSCRRRLAGHNERRRKP
Vitvi_SPL      (79)  PPRCQVEGCKLDLSDAK-AYYSRHKVCGMHSKSPTVIVAGLEQRFCQQCSRFHQLAEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRKP
Aqufo_SPL      (77)  PPRCSVEGCKLDLTDAK-PYYSRHKVCGMHSKSPKVIVGGLEQRFCQQCSRFHLLCEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRKP
Orysa_SPL     (101)  PPRCQVEGCGADLSGIK-NYYCRHKVCFMHSKAPRVVVAGLEQRFCQQCSRFHLLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRRP
Zeama_SPL      (80)  PARCQVDGCNVDLTDVKPAYYCRHKVCKMHSKEPRVLVNGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQLKKSCRKRLAGHNERRRRP
Medtr_SPL      (65)  PPRCQVEGCKLDLTDAK-AYYSRHKVCGMHSKSPTVTVSGLQQRFCQQCSRFHQLAEFDQGKRSCRRRLAGHNERRKP
Nicbe_SPL      (77)  PPRCQVEGCEADLSDVK-AYYSRHKVCATHSKSPVVIVAGLEQRFCQQCSRFHRLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRKP
Soltu_SPL      (73)  PPRCQVEGCQADLSDAK-AYYSRHKVCGMHSKSPTVVVAGLEQRFCQQCSRFHQLTEFDQGKRSCRRRLACHNERRKP
Maldo_SPL      (77)  PPRCQVEGCEVDLSGAK-AYYSRHKVCGLHSKTPTVIVAGLEQRFCQQCSRFHLLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRKP
Lacsa_SPL      (73)  PPRCQVEGCNLDLSDAK-SYYSRHKVCGAHSKTAKVIVNGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRKP
Iponi_SPL      (56)  PPRCQVEGCKADLSEFK-AYYSKHKVCGMHSKSPKVIVSGLEQRFCQQCSRFHQLSEFDQVKRSCRRRLAGHNERRKP
Zeama_SPL II   (61)  PPRCQVDGCGVDLSAVK-QYYCRHKVCNMHSKEPRVFVAGIEQRFCQQCSRFHQLHEFDQGKRSCRRRLIGHNERRKP
Orysa_SPL II   (71)  PPRCQVEGCGVDLSGVK-PYYCRHKVCYMHAKEPIVVVAGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQEKKSCRRRLAGHNERRKP

Consenso      (103)  PPRCQVEGC VDLSDAK AYYSRHKVCGMHSKSPKVIVAGLEQRFCQQCSRFHQL EFDQGKRSCRRRLAGHNERRRKP
```

FIGURA 2

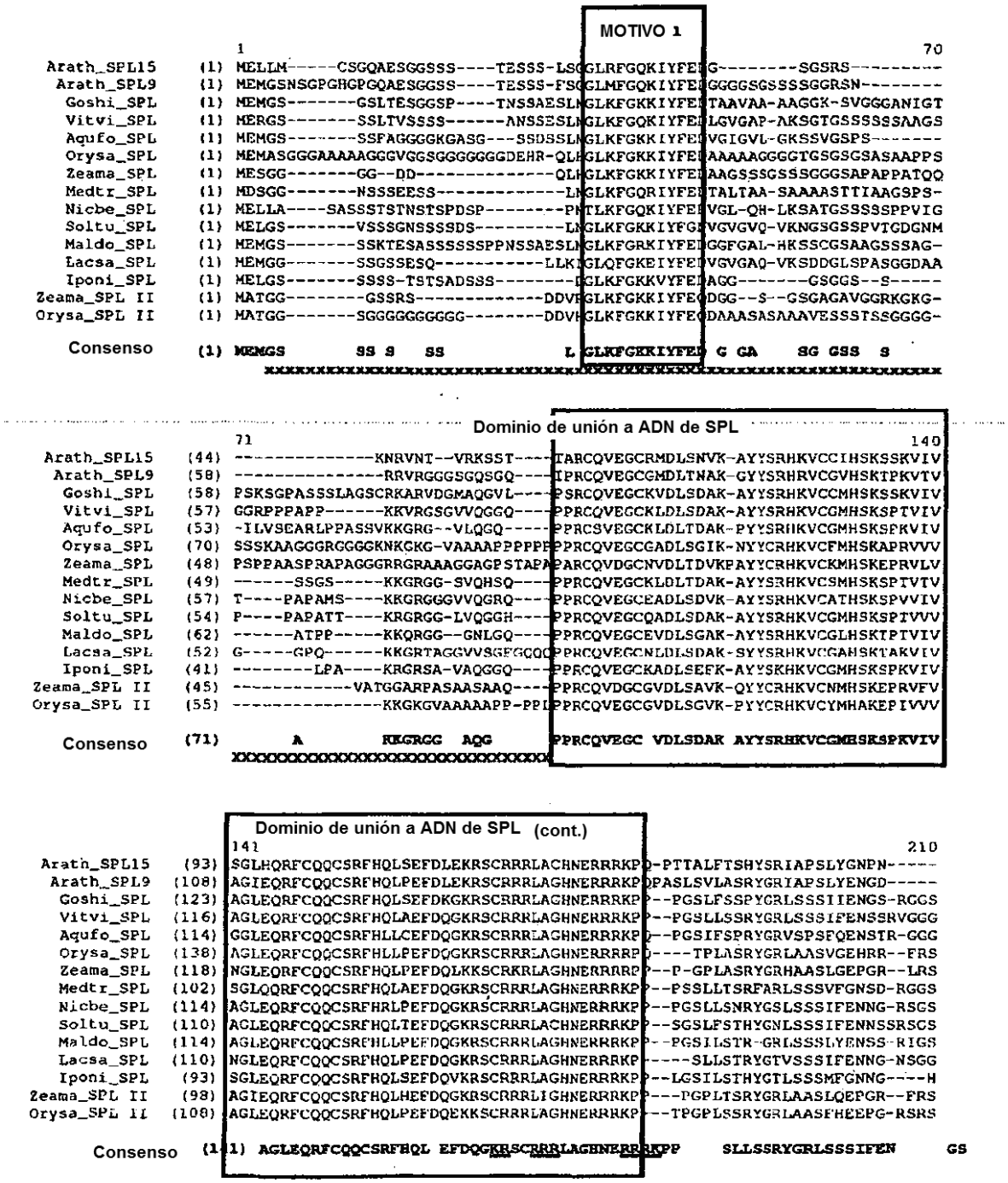
MOTIVO 1
Dominio de unión a ADN de SPL
Dominio de unión a ADN de SPL (cont.)
Arath_SPL15
Arath_SPL9
Goshi_SPL
Vitvi_SPL
Aqufo_SPL
Orysa_SPL
Zeama_SPL
Medtr_SPL
Nicbe_SPL
Soltu_SPL
Maldo_SPL
Lacsa_SPL
Iponi_SPL
Zeama_SPL II
Orysa_SPL II
Consenso

FIGURA 3

```
                          211                                                                    280
   Arath_SPL15   (157) AAMIKSVLG----DPTAWSTARSVMQR-PGPWQINPVRET-HPHMNVLSHGSS-----------------
    Arath_SPL9   (173) AGMNGSFLGN---QEIGWPSSRTLDTR-VMRRPVSSP--------SWQINPMNVFSQGSVG-------G-
     Goshi_SPL   (190) FIVDFSAYPRL-SGRDAWPAARSL-EC-ITGNRS-TATGS-SFSHPRQNNSSKPP-------HDHFLQG-
     Vitvi_SPL   (184) FLMDFAAYPRH-PERDTWPTTRAS-DR-VPGNQT-TAMGR-FLPHPWQSNSENP----------LFLQG-
     Aqufo_SPL   (181) FLMDFTAYPRL-AGRDAWQTVKAG-NW-ADGNQTS-PIKK-LLPHQWQGNSENPPPIVYSQAPHPYLQG-
     Orysa_SPL   (202) FTLDFSYPRVPSSVRNAWPAIQPG-DRISGGIQWHRNVAP-HGHSSAVAGYGANTYS---------GQGS
     Zeama_SPL   (183) FMLDFSYPRVSSAMRGGFPAVRAGGERVPGGIQWQAGLDP-RHHQGAVAGYGAHYGSE--------GGSS
     Medtr_SPL   (169) FLMEFASNPKH-SLRN------------SPGNQ-----TT-AIGWPWPGNTESPS-------SNLFLQG-
     Nicbe_SPL   (181) FLVDFTAYPNL-TGGA-WPNTRSS-DR-GWDNQST-ASGK-LLQSHWLNSSENPT-------SDLVLQG-
     Soltu_SPL   (178) FLVDFSSHQNV-NDSS-WPNTRAS-EQ-GWDHQS---SGK-FLQRPWLNNSENAA-------SELVLQG-
     Maldo_SPL   (180) FLMDFTAYPRF-SGRDTW-TTRTS-ER-APVNQNANDAGK-FLQQPWQSNSDIST-------SGFYLQG-
     Lacsa_SPL   (174) FLMDFSSCSR---GRIQWPGTRAA-PPPRAAIDLPIAGEK-FPPLPWQSNLDNPP---------P--YVP
     Iponi_SPL   (157) FVMDFASYP--------YPGGKGS-----WRPSTN-GVGN-FLQQPWQRNSEDPP-------PKLLLLGS
  Zeama_SPL II   (163) FLLDFSYPRVPSSVRDAWPGIQHGGDRMLGTVQWHGHQEPPHPHRSAAAGYGNHAAYN-------CHGGL
  Orysa_SPL II   (174) FVVDFSYPRVPSSVRDAWPAIQPS-DRMSGSIQWQGG-HELHPHRSAVAGYSDHHAFS--------SHGG

      Consenso   (211) FLMDFSA     S R AWP  RA  DR     Q             W ANSE             LQG
```

```
                                                          MOTIVO 2
                          291                                                                    350
   Arath_SPL15   (204) -----SFTTCPEMIN------NNST---DSSCALSLLSNS-YPIHQQ----QLQTPTN------TWRPSS
    Arath_SPL9   (223) ---GGTSFSSPEIMDTKLESYKGIG--DSNCALSLLSNPHQPHDN-----NNNNNNNNNNNNTWRASS
     Goshi_SPL   (247) -SPCGTSFSSTG--ISPGECFTGSG--DSSCALSLLSN-QPWG------SRNQALN-----------F
     Vitvi_SPL   (238) -SAGGTSFHGPG--IPSGECFTGAS--DSSCALSLLSN-QPWS------SRNRASG-----------L
     Aqufo_SPL   (245) -VASGSIFSSTR--IPSAECFAGVS--DSSCALSLLSN-QPWN------PRNQTSD-----------L
     Orysa_SPL   (261) SSSGPPVFAGPN--LPPGGCLAGVGAATDSSCALSLLST-QPWDTTTHSAAASHNQAAAM--------S
     Zeama_SPL   (244) SSARPPVFPGPE--LPPGGCLAGV--PADSSCALSLLST-QPWD---AAHSHSHSHAA----------P
     Medtr_SPL   (212) -SVGGTSFPGAR--HPPEETYTGVT--DSNCALSLLSN-QTWG------SQNTEPS-----------P
     Nicbe_SPL   (237) -SVARGANYSGPGIIPSGNCFSGVS--DSNGALSLLSN-EPWG------SRNQSSS-----------L
     Soltu_SPL   (232) -SATRTSYPS----VPSGDYFPGVS--DSSGALSLLSN-RSWG------SRNRSPS-----------L
     Maldo_SPL   (237) -SAGGTSYPGPG--IPPGECVTVVT--DSSCALSLLSN-QPWG------SRNRVLG-----------A
     Lacsa_SPL   (228) ----------------PGGCFNGVHE-DSNCALSLLSN-HSSG------SRNQSLS------------
     Iponi_SPL   (205) DAAARATYPS-----PCGEYFNGVS--DSTRALSLLSNSNQPWG------SRNQQPSG----------L
  Zeama_SPL II   (226) VAGGAPMLSSAAFELPPGGCVAGVA--ADSSCALSLLST-QPWDTT----SHDHRSP----------AM
  Orysa_SPL II   (234) SAAGAPMLHHPAFELTSGGCLAGVAT-DSSCALSLLST-QPWDTTQSTSSHNRSPP----------MS

      Consenso   (281)  SAGGT F      IP GECF GVS   DSSCALSLLSN  QPW        SRN
```

secuencia del péptido diana miR156 **CALSLLS**

```
                          351                                                                    420
   Arath_SPL15   (249) GFDSMISFSDK--VTMAQPPPISTHQPPISTHQQYLSQTWEVIAG---EKSNSHYMSPVSQISEPADFQI
    Arath_SPL9   (282) GFGPMT-------VTMAQPP-------PAPSQHQYLNPPWVFKDN---DNDMSPVLN-LGRYTEPDNCQI
     Goshi_SPL   (292) SVNGVISTEG---SSAAQPTT-----LHGAVVNPYSNASLDFNGS-DTVRSSHKMLPHLDLGQIPDPVN-
     Vitvi_SPL   (283) GANSFMNPEG---ASMAQPTA-----PHSAAINHFPSTSWDFKGN-EGSSSSQEMPPDLGLGQISQPIN-
     Aqufo_SPL   (290) EVNNIVNGEG---VSMARSIA-----PHSAVVTNFTNNTWNFKGNSEVSGSSHEIPRQVS-----QPVT-
     Orysa_SPL   (319) TTTSFDGNPV---APSAMAG------SYMAFSPWTG--SRGHEGGG--RSVAHQLPHEVSLDEVHPGPS-
     Zeama_SPL   (295) TAGFDGGSPV---APSLMAAS-----SYIAPSPWTETDSWGHEGG---RSVPQLPPDDVPLGEVHSGSSS
     Medtr_SPL   (257) GLNNMLNFNG---TPMTQLG----------------TSSHGVAMH-QIPNN-YEVVPDLGRGHILHPLG-
     Nicbe_SPL   (284) GVNGLVNTDG---GHTVHPSG-----SHAAPVNHYSGPLWGFKGN-EASSSSHAIPPDLGLGHISQHAV-
     Soltu_SPL   (275) GVNSQVHIDG---VHTIQPSG-----SHGAPTNHFSSPSLSFKGN-EASSSSHEMPPDLGLGQMLQASD-
     Maldo_SPL   (282) GMNSLMNTQG---VPVAQPVP------HSATSNHFPTTSWGFKGN-ENGSSSHGMLPDLGLGQISQPLS-
     Lacsa_SPL   (260) -HEYYINPEA---GAYVHQLH-----QPTTGTGAGFGTMVEVTAT---GWVYETHDAHLGLGHVPQS-G-
     Iponi_SPL   (251) GVNSLLNTDG---TLAVHPSG-----SHAAVINEFSSSPWGFKGN-QATTSSDKILPDS-----------
  Zeama_SPL II   (278) PAAGAFDGTPV--APSVMASS------------YAASSAWTGSRDPAADGARNAQRLDDALHLVHPGSA-
  Orysa_SPL II   (290) STASAFGGGNNPVSPSVMASN------YMAASPGWNSSSRGHDGA---RNVHLPPPHGVVLNEVPPG-SV

      Consenso   (351) G H LI   G          P          H A   F S SW F G        SS  M  DLGLG I
```

FIGURA 3 (cont.)

tripéptido W(S/T)L

```
                    421                                                  470
Arath_SPL15   (314) SNGTTMGGFELYLHQQVLK--------QYMEPENTRAYDSSPQHFTWSL
 Arath_SPL9   (334) SSGTAMGEFELSDHHHQSRR-------QYMEDENTRAYDSSSHHTFWSL
  Goshi_SPL   (352) --CQFSSDLELSQQSW-RSY--------IEHEQSGAAYDDSMQHIFWTL
  Vitvi_SPL   (343) --SQFSGGGELPQQSG-RQY--------MELEHS-RAYDTSTQQMFWSL
  Aqufo_SPL   (346) --NHFSSELDLAQQGN--RQ--------YMEIRHSRDFGSSTHQMFWSL
  Orysa_SPL   (375) HHAHFSGELELALQGNGPAP------APRIDPGSGSTFDQTSNTMFWSL
  Zeama_SPL   (354) HHGQFSGELELALQGNRPAPGSAAPPAPRNNQGSAGTFDQAGNTMFWSL
  Medtr_SPL   (305) --SQHSGELDLLQQGR-R-H--------YMDVEHSRAYESS----QWSL
  Nicbe_SPL   (344) --NQYSGEPGMAQHS--GRQ--------YMGLEHSKGYNSSVQNVFWTL
  Soltu_SPL   (335) --NPYCGELGMAQHGD-GRQ--------YMELDQSKGYHPSVQNVFWTL
  Maldo_SPL   (341) --SQYSGVLELSQQGR-RQQ--------HMELGHTRGYDSTSQQMFWSL
  Lacsa_SPL   (316) --GGYSGEVGLGPHGG------------------GRRYDSSVDHIFWSL
  Iponi_SPL   (301) ---HYSGELEMMAHQQTGRA--------YNGMEYSTGYDSSVQNVFWTL
Zeama_SPL II  (333) -AVHFSGELELALQGSGGPP--HLPRVDHGGSGGGTFNHSTTSAMFWSL
Orysa_SPL II  (350) HHGHFSGELELALQGGAPSN-----RPEAEHGSGSGAFSHSTNAMFWSL

Consenso      (421)     FSGELELA QG             YM    SRAYDSS Q M WSL
```

FIGURA 3 (continuación)

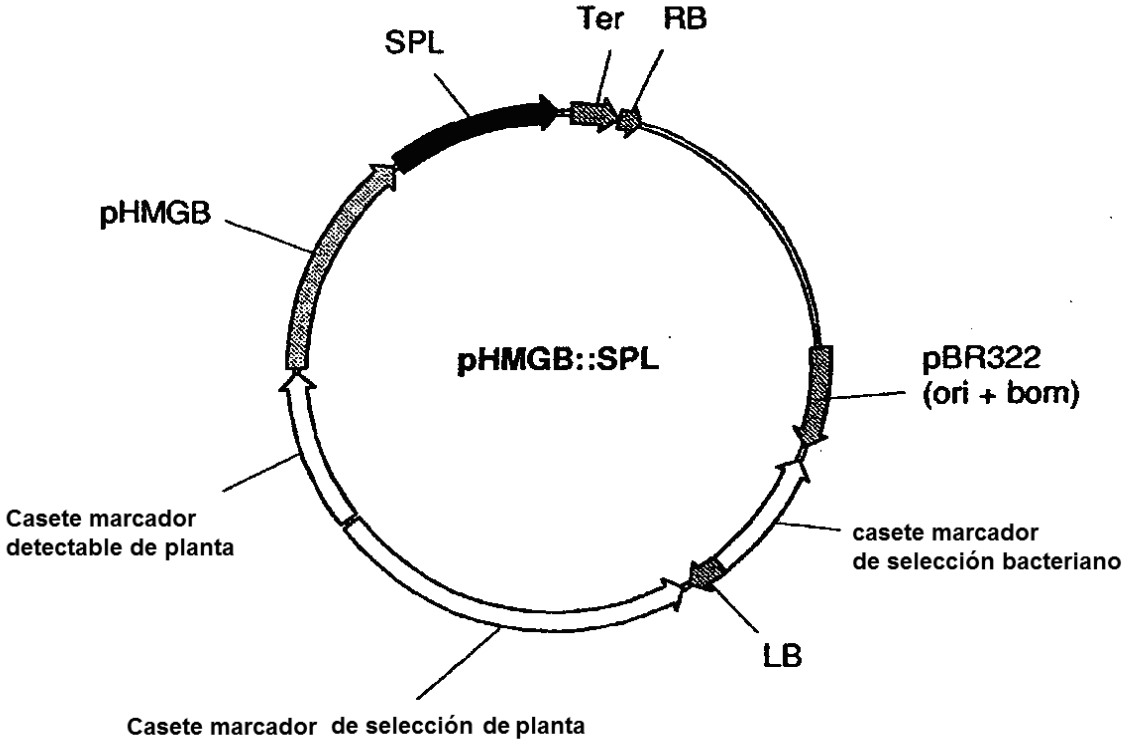

FIGURA 4

SEC ID Nº 234. **Arabidopsis thaliana Arath_SPL15 (At3g57920)**
secuencia de ácido nucleico **NM_115654.1**

ATGGAGTTGTTAATGTGTTCGGGTCAGGCCGAGTCAGGTGGTTCCTCTTCCACCGAGTCTTCTTCA
CTCAGTGGTGGACTCAGGTTTGGTCAGAAGATCTACTTCGAGGATGGATCCGGATCCAGAAGCAAG
AACCGGGTCAATACCGTTCGTAAGTCGTCTACCACGGCGAGGTGCCAAGTGGAAGGTTGTAGAATG
GATCTAAGCAATGTTAAAGCTTATTACTCGAGACACAAAGTTTGTTGCATTCACTCTAAATCATCT
AAAGTCATTGTCTCTGGTCTTCATCAAAGGTTTTGTCAACAATGTAGCAGGTTTCACCAGCTTTCT
GAGTTTGACTTGGAGAAAAGAAGTTGTCGCAGAAGACTCGCTTGTCATAACGAACGACGAAGAAAA
CCACAACCCACAACGGCTCTTTTCACTTCTCATTACTCTCGAATCGCTCCATCTCTTTACGGAAAC
CCCAATGCTGCAATGATTAAAAGCGTTTTGGGAGATCCTACTGCGTGGTCAACCGCAAGATCAGTG
ATGCAGCGGCCTGGACCGTGGCAGATTAATCCAGTTAGGGAAACCCATCCACACATGAATGTTTTA
TCACATGGAAGCTCAAGCTTTACTACATGTCCAGAGATGATAAACAACAATAGCACAGATTCAAGC
TGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAACTCATACCCAATTCATCAGCAGCAACTTCAGACACCAACAAAT
ACATGGCGACCATCTTCTGGTTTCGACTCGATGATCTCATTCTCCGATAAGGTTACAATGGCTCAG
CCACCGCCCATTTCAACCCATCAGCCGCCCATCTCAACACATCAGCAGTACCTCAGCCAAACTTGG
GAAGTCATCGCGGGCGAAAAGAGCAATTCACATTATATGTCTCCTGTGAGTCAAATCTCGGAGCCA
GCAGATTTCCAGATAAGCAATGGCACCACAATGGGTGGATTTGAGCTGTATCTTCATCAGCAGGTT
CTGAAGCAATACATGGAACCCGAGAACACAAGAGCTTATGACTCCTCTCCTCAACATTTCAATTGG
TCTCTTTGA

SEC ID Nº 235, Arabidopsis thaliana Arath_SPL15
secuencia polipeptídica deducida

MELLMCSGQAESGGSSSTESSSLSGGLRFGQKIYFEDGSGSRSKNRVNTVRKSSTTARCQVEGCRM
DLSNVKAYYSRHKVCCIHSKSSKVIVSGLHQRFCQQCSRFHQLSEFDLEKRSCRRRLACHNERRRK
PQPTTALFTSHYSRIAPSLYGNPNAAMIKSVLGDPTAWSTARSVMQRPGPWQINPVRETHPHMNVL
SHGSSSFTTCPEMINNNSTDSSCALSLLSNSYPIHQQQLQTPTNTWRPSSGFDSMISFSDKVTMAQ
PPPISTHQPPISTHQQYLSQTWEVIAGEKSNSHYMSPVSQISEPADFQISNGTTMGGFELYLHQQV
LKQYMEPENTRAYDSSPQHFNWSL

SEC ID Nº 236, Arabidopsis thaliana Arath_SPL9 (At2g42200)
secuencia de ácido nucleico **AY150378**

ATGGAGATGGGTTCCAACTCGGGTCCGGGTCATGGTCCGGGTCAGGCAGAGTCGGGTGGTTCCTCC
ACTGAGTCATCCTCTTTCAGTGGAGGGCTCATGTTTGGCCAGAAGATCTACTTCGAGGACGGTGGT
GGTGGATCCGGGTCTTCTTCCTCAGGTGGTCGTTCAAACAGACGTGTCCGTGGAGGCGGGTCGGGT
CAGTCGGGTCAGATACCAAGGTGCCAAGTGGAAGGTTGTGGGATGGATCTAACCAATGCAAAAGGT
TATTACTCGAGACACCGAGTTTGTGGAGTGCACTCTAAAACACCTAAAGTCACTGTGGCTGGTATC
GAACAGAGGTTTTGTCAACAGTGCAGCAGGTTTCATCAGCTTCCGGAATTTGACCTAGAGAAAAGG
AGTTGCCGCAGGAGACTCGCTGGTCATAATGAGCGACGAAGGAAGCCACAGCCTGCGTCTCTCTCT
GTGTTAGCTTCTCGTTACGGGAGGATCGCACCTTCGCTTTACGAAAATGGTGATGCTGGAATGAAT
GGAAGCTTTCTTGGGAACCAAGAGATAGGATGGCCAAGTTCAAGAACATTGGATACAAGAGTGATG
AGGCGGCCAGTGTCGTCACCGTCATGGCAGATCAATCCAATGAATGTATTTAGTCAAGGTTCAGTT
GGTGGAGGAGGGACAAGCTTCTCATCTCCAGAGATTATGGACACTAAACTAGAGAGCTACAAGGGA
ATTGGCGACTCAAACTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCCACATCAACCACATGACAACAACAAC
AACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAATACATGGCGAGCTTCTTCAGGTTTTGGCCCGATG
ACGGTTACAATGGCTCAACCACCACCTGCACCTAGCCAGCATCAGTATCTGAACCCGCCTTGGGTA
TTCAAGGACAATGATAATGATATGTCTCCTGTTTTGAATTTAGGTCGATACACCGAGCCAGATAAT
TGTCAGATAAGTAGTGGCACGGCAATGGGTGAGTTCGAGTTATCTGATCACCATCATCAAAGTAGG
AGACAGTACATGGAAGATGAGAACACAAGGGCTTATGACTCTTCTTCTCACCATACCAACTGGTCC
CTCTGA

FIGURA 5

SEC ID Nº: 237, Arabidopsis thaliana Arath_SPL9 deduced secuencia polipeptídica deducida

MEMGSNSGPGHGPGQAESGGSSTESSSFSGGLMFGQKIYFEDGGGGSGSSSSGGRSNRRVRGGGSG
QSGQIPRCQVEGCGMDLTNAKGYYSRHRVCGVHSKTPKVTVAGIEQRFCQQCSRFHQLPEFDLEKR
SCRRRLAGHNERRRKPQPASLSVLASRYGRIAPSLYENGDAGMNGSFLGNQEIGWPSSRTLDTRVM
RRPVSSPSWQINPMNVFSQGSVGGGGTSFSSPEIMDTKLESYKGIGDSNCALSLLSNPHQPHDNNN
NNNNNNNNNNNTWRASSGFGPMTVTMAQPPPAPSQHQYLNPPWVFKDNDNDMSPVLNLGRYTEPDN
CQISSGTAMGEFELSDHHHQSRRQYMEDENTRAYDSSSHHTNWSL

SEC ID Nº: 238, Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens SPL secuencia de ácido nucleico contigua de **DR915312 DR949057.1**

ATGGAAATGGGTTCCAGCTCTTTCGCTGGTGGTGGGGGTAAGGGTGCTTCTGGTTCATCTGATTCT
TCACTGAATGGTTTGAAATTTGGGAAGAAAATCTACTTTGAAGATGTGGGTATTGGAGTTTTAGGC
AAGTCAAGTGTTGGGTCTCCGTCAATTTTGGTTTCTGAAGCTCGGTTGCCACCGGCTTCGTCGGTG
AAGAAGGGTAGAGGGGTTTTGCAAGGACAACCACCTAGATGTTCTGTTGAAGGTTGTAAGCTTGAT
CTTACTGATGCTAAGCCTTATTACTCAAGGCACAAAGTCTGTGGTATGCACTCTAAATCTCCTAAA
GTAATTGTTGGTGGTTTGGAGCAGAGGTTTTGCCAGCAGTGTAGCAGATTTCATCTACTCTGTGAA
TTTGACCAAGGCAAGCGAAGCTGTCGTAGACGTCTAGCTGGCCACAATGAGCGTCGAAGAAAACCA
CAACCTGGATCAATATTTTCACCGCGCTATGGTCGTGTGTCACCATCTTTCCAAGAAAATAGCACC
AGAGGAGGAGGTTTTCTAATGGACTTCACAGCGTACCCAAGGCTGGCAGGAAGGGATGCATGGCAA
ACAGTAAAAGCCGGCAATTGGGCAGATGGAAACCAAACCTCTCCTATTAAGAAGCTTCTCCCACAT
CAATGGCAAGGCAATTCAGAGAATCCTCCTCCTATTGTCTATTCTCAGGCACCTCACCCGTATCTG
CAAGGTGTGGCTAGTGGATCAATTTTTTCCAGTACAAGAATACCTTCAGCCGAGTGTTTTGCTGGT
GTCTCTGACTCCAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCAACCATGGAACCCCAGAAACCAGACT
TCCGATTTGGAGGTGAATAACATAGTGAACGGTGAAGGGGTATCCATGGCAAGATCTATAGCACCT
CATAGTGCTGTAGTCACCAACTTCACGAACAACACATGGAATTTTAAGGGCAACAGTGAAGTTAGT
GGCAGTTCCCATGAAATTCCACGTCAGGTGTCGCAGCCAGTCACCAATCATTTCTCCAGTGAGCTC
GATCTAGCTCAGCAGGGGAACAGGCAGTACATGGAGATCCGGCATTCAAGGGATTTTGGTTCTTCC
ACTCACCAGATGCACTGGTCTCTTTGA

SEC ID Nº: 239, Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens SPL secuencia polipeptídica deducida

MEMGSSSFAGGGGKGASGSSDSSLNGLKFGKKIYFEDVGIGVLGKSSVGSPSILVSEARLPPASSV
KKGRGVLQGQPPRCSVEGCKLDLTDAKPYYSRHKVCGMHSKSPKVIVGGLEQRFCQQCSRFHLLCE
FDQGKRSCRRRLAGHNERRRKPQPGSIFSPRYGRVSPSFQENSTRGGGFLMDFTAYPRLAGRDAWQ
TVKAGNWADGNQTSPIKKLLPHQWQGNSENPPPIVYSQAPHPYLQGVASGSIFSSTRIPSAECFAG
VSDSSCALSLLSNQPWNPRNQTSDLEVNNIVNGEGVSMARSIAPHSAVVTNFTNNTWNFKGNSEVS
GSSHEIPRQVSQPVTNHFSSELDLAQQGNRQYMEIRHSRDFGSSTHQMHWSL

SEC ID Nº: 240, Gossypium hirsutum SPL secuencia de ácido nucleico **DT566400**

ATGGAAATGGGTTCGGGCTCTTTGACTGAGTCGGGCGGTTCTCCCACCAACTCTTCCGCCGAGTCA
CTCAACGGCTTGAAGTTCGGTAAAAAGATCTACTTTGAGGATACAGCCGCTGTCGCCGCCGCCGCT
GGTGGTAAAAGTGTTGGTGGTGGTGCAAACATAGGGACTCCATCCAAGTCCGGTCCAGCATCTTCA
AGCTTAGCCGGGTCGTGTAGGAAAGCCAGGGTTGATGGAATGGCGCAAGGGGTTCTGCCTTCTAGG
TGTCAAGTAGAAGGGTGTAAAGTGGATCTGAGTGATGCTAAGGCTTACTATTCAAGGCATAAGGTT
TGTTGTATGCACTCTAAGTCATCTAAAGTCATTGTTGCTGGTCTCGAGCAAAGATTTTGTCAGCAG
TGTAGCAGATTTCATCAGCTTTCTGAATTTGACAAAGGGAAACGGAGTTGTCGTAGACGGCTTGCA

FIGURA 5 (continuación)

GGTCACAATGAGCGACGCAGGAAACCACCACCTGGATCATTATTTTCCTCTCCTTATGGCCGGCTT
TCTTCCTCTATTATTGAAAATGGCAGTAGAGGTGGAAGCTTTATAGTGGATTTCTCAGCATACCCA
AGGCTTTCAGGAAGGGATGCATGGCCAGCAGCTCGATCGTTAGAATGCATAACTGGAAATCGAAGC
ACAGCCACTGGAAGCTCATTTTCACATCCACGGCAAAACAACTCCAGCAAACCTCCTCATGACCAT
TTCTTGCAAGGTTCACCATGTGGGACTAGTTTCTCCAGCACTGGAATTTCTCCAGGAGAATGCTTC
ACAGGGTCTGGTGACTCAAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCAACCGTGGGGCTCCAGGAAC
CAGGCTTTGAATTTTTCTGTAAATGGCGTGATAAGTACTGAAGGGTCCTCTGCGGCACAACCAACA
ACGCTTCATGGTGCAGTTGTGAACCCTTATTCAAATGCCTCTTTGGATTTCAATGGCAGTGACACT
GTTCGCAGTTCTCACAAGATGCTGCCACACCTAGATTTGGGTCAAATCCCAGACCCTGTTAACTGT
CAATTCTCTAGTGACCTTGAGTTGTCTCAACAAAGCTGGAGGTCATATATCGAACATGAGCAGTCC
GGGGCAGCCTATGACGACTCCATGCAGCATATCCACTGGACGCTCTAA

SEC ID Nº: 241, Gossypium hirsutum SPL secuencia polipeptídica deducida

MEMGSGSLTESGGSPTNSSAESLNGLKFGKKIYFEDTAAVAAAAGGKSVGGGANIGTPSKSGPASS
SLAGSCRKARVDGMAQGVLPSRCQVEGCKVDLSDAKAYYSRHKVCCMHSKSSKVIVAGLEQRFCQQ
CSRFHQLSEFDKGKRSCRRRLAGHNERRRKPPPGSLFSSPYGRLSSSIIENGSRGGSFIVDFSAYP
RLSGRDAWPAARSLECITGNRSTATGSSFSHPRQNNSSKPPHDHFLQGSPCGTSFSSTGISPGECF
TGSGDSSCALSLLSNQPWGSRNQALNFSVNGVISTEGSSAAQPTTLHGAVVNPYSNASLDFNGSDT
VRSSHKMLPHLDLGQIPDPVNCQFSSDLELSQQSWRSYIEHEQSGAAYDDSMQHIHWTL

SEC ID Nº: 242, Ipomoea nil SPL secuencia de ácido nucleico contigua de
BJ576204.1 BJ556115 BJ567301

ATGGAACTGGGTTCTTCTTCTTCTTCTACCTCTACCTCCGCCGACTCCTCATCCGACGGCTTGAAG
TTCGGCAAAAAAGTCTACTTTGAAGATGCGGGTGGTGGGAGTGGTGGGTCGTCGCTGCCGGCCAAG
AGAGGGAGGAGCGCGGTGGCGCAAGGCGGACAGCCACCCAGGTGCCAGGTGGAAGGGTGCAAGGCA
GATCTGAGTGAATTTAAGGCTTATTACTCAAAGCATAAAGTTTGTGGTATGCACTCCAAGTCTCCT
AAGGTCATTGTTTCTGGGCTTGAACAGAGATTCTGCCAGCAGTGCAGCAGGTTTCATCAATTGAGT
GAATTTGATCAAGTAAAAAGGAGCTGCCGTAGGCGTTTGGCTGGTCATAATGAGCGTCGTAGGAAG
CCCCCACTTGGATCCATATTGTCCACACATTATGGGACTCTTTCTTCTTCAATGTTTGGAAACAAT
GGCCACTTTGTGATGGATTTCGCCTCATACCCATATCCGGGTGGTAAGGGCTCATGGCGGCCAAGT
ACCAATGGCGTGGGGAACTTTCTTCAACAACCATGGCAGAGAAACTCTGAAGATCCCCCACCCAAG
CTTCTTTTGCTAGGTTCGGATGCTGCTGCTAGGGCTACTTATCCCAGTCCTTGTGGAGAATACTTC
AATGGGGTCTCGGATTCCACCCGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAACTCAAATCAGCCCTGGGGCTCG
AGAAACCAACAACCCTCTGGTCTCGGGGTTAATAGCTTACTTAACACTGATGGAACGCTTGCTGTT
CATCCATCCGGTTCCCATGCTGCCGTTATCAATGAATTTTCTTCAAGTCCATGGGGTTTTAAAGGC
AATCAAGCCACTACCAGCTCAGATAAGATCCTTCCTGATAGTCACTATTCTGGTGAGCTCGAGATG
ATGGCTCATCAACAAACTGGACGAGCATACATGGGAATGGAGTACTCGACGGGTTATGATTCTTCT
GTCCAGAATGTGCACTGGACTCTCTGA

SEC ID Nº: 243, Ipomoea nil SPL secuencia polipeptídica deducida

MELGSSSSSTSTSADSSSDGLKFGKKVYFEDAGGGSGGSSLPAKRGRSAVAQGGQPPRCQVEGCKA
DLSEFKAYYSKHKVCGMHSKSPKVIVSGLEQRFCQQCSRFHQLSEFDQVKRSCRRRLAGHNERRRK
PPLGSILSTHYGTLSSSMFGNNGHFVMDFASYPYPGGKGSWRPSTNGVGNFLQQPWQRNSEDPPPK
LLLLGSDAAARATYPSPCGEYFNGVSDSTRALSLLSNSNQPWGSRNQQPSGLGVNSLLNTDGTLAV
HPSGSHAAVINEFSSSPWGFKGNQATTSSDKILPDSHYSGELEMMAHQQTGRAYMGMEYSTGYDSS
VQNVHWTL

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº **244, Lactuca sativa SPL** secuencia de ácido nucleico contigua de **DY966949 DW119178**

ATGGAGATGGGTGGTTCGAGTGGTTCTTCGGAGTCGCAACTGCTCAAAATTGGTTTGCAATTCGGG
AAAGAAATCTATTTTGAGGATGTGGGAGTTGGAGCTCAGGTTAAATCCGATGATGGGTTGTCTCCG
GCGAGCGGCGGCGATGCTGCTGGAGGGCCGCAGAAGAAAGGGAGAACTGCTGGTGGGGTGGTGAGT
GGTTTTGGACAACAGCAACCACCGAGGTGTCAGGTGGAAGGTTGTAATCTGGATCTGAGTGATGCT
AAAAGTTACTATTCAAGGCACAAAGTTTGTGGTGCTCATTCGAAAACGGCTAAGGTCATTGTTAAT
GGCCTTGAACAGAGATTCTGCCAACAGTGCAGCAGGTTCCATCAACTACCAGAGTTTGACCAGGGA
AAAAGAAGCTGCAGGAGACGATTGGCTGGGCACAATGAACGTAGAAGAAAGCCATCTCTGCTATCC
ACTCGCTATGGAACTGTCTCCTCCTCAATCTTTGAAAACAATGGGAATTCTGGAGGCTTTCTAATG
GACTTTTCGTCATGCTCAAGAGGAAGGATTCAGTGGCCAGGAACAAGGGCGGCACCACCGCCTCGA
GCCGCCATCGACCTCCCAATTGCCGGAGAAAAGTTCCCACCGCTTCCATGGCAAAGCAACCTGGAT
AATCCACCTCCTTATGTTCCACCAGGAGGGTGTTTTAATGGAGTCCATGAGGACTCCAACTGTGCT
CTCTCTCTTCTGTCAAATCACTCATCTGGCTCAAGGAACCAATCCCTGAGCCATGAGTACTATATC
AACCCTGAAGCTGGTGCATATGTGCACCAGCTTCATCAACCAACAACCGGAACCGGAGCTGGGTTC
GGAACCATGGTTGAGGTCACCGCCACTGGCTGGGTATACGAGACCCATGATGCCCATTTGGGTTTG
GGTCACGTCCCACAGTCTGGTGGTGGCTACTCTGGTGAGGTTGGACTTGGTCCACATGGTGGGGGA
AGGCGATATGACTCATCTGTTGACCACATTGACTGGTCACTTTGA

SEC ID Nº **245, Lactuca sativa SPL** secuencia polipeptídica deducida

MEMGGSSGSSESQLLKIGLQFGKEIYFEDVGVGAQVKSDDGLSPASGGDAAGGPQKKGRTAGGVVS
GFGQQQPPRCQVEGCNLDLSDAKSYYSRHKVCGAHSKTAKVIVNGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQG
KRSCRRRLAGHNERRRKPSLLSTRYGTVSSSIFENNGNSGGFLMDFSSCSRGRIQWPGTRAAPPPR
AAIDLPIAGEKFPPLPWQSNLDNPPPYVPPGGCFNGVHEDSNCALSLLSNHSSGSRNQSLSHEYYI
NPEAGAYVHQLHQPTTGTGAGFGTMVEVTATGWVYETHDAHLGLGHVPQSGGGYSGEVGLGPHGGG
RRYDSSVDHIDWSL

SEC ID Nº **246, Malus domestica SPL** secuencia de ácido nucleico contigua de **of CN891102.1, CO868185.1, CV523507**

ATGGAAATGGGCTCGAGTTCTAAGACCGAGTCAGCGAGCTCTTCCTCCTCTTCGCCGCCCAACTCC
TCCGCTGAGTCACTCAACGGCTTGAAATTCGGCCGGAAAATCTACTTTGAGGATGGGGGTTTTGGA
GCTCTGCACAAATCATCATGCGGGTCTGCTGCTGGGTCTTCCTCCGCCGGGGCTACGCCGCCAAAG
AAGCAAAGGGGCGGCGGAAATTTGGGTCAGCCGCCGCGGTGTCAGGTGGAGGGCTGCGAGGTAGAT
CTGAGTGGTGCCAAAGCTTACTATTCCAGGCACAAAGTCTGTGGCTTGCACTCTAAAACTCCCACT
GTCATTGTTGCTGGTCTTGAACAGAGGTTTTGCCAACAGTGTAGCAGGTTTCATTTACTTCCTGAA
TTTGATCAAGGAAAACGTAGTTGTCGTAGACGCTTGGCTGGGCATAATGAGCGTCGTAGAAAACCA
CCTCCAGGATCCATACTGTCTACGCGTGGCAGACTTTCTTCGTCTCTCTACGAAAACAGCAGCAGA
ATTGGAAGCTTTCTGATGGACTTCACTGCATACCCAAGGTTTTCTGGGAGGGATACATGGACAACA
AGAACCTCTGAGCGAGCACCTGTTAATCAAAATGCCAATGACGCAGGGAAGTTTCTACAACAGCCG
TGGCAGAGCAACTCTGATATTTCTACATCCGGCTTTTACCTACAAGGTTCAGCAGGCGGGACTAGT
TATCCTGGTCCTGGAATTCCTCCAGGAGAATGTGTCACAGTAGTCACTGACTCAAGCTGTGCTCTC
TCTCTTCTGTCAAATCAGCCATGGGGCTCTCGAAACCGAGTATTGGGTGCTGGGATGAATTCCTTG
ATGAACACTCAAGGGGTACCTGTGGCTCAACCAGTCCCTCATTCTGCAACCTCCAATCACTTTCCG
ACCACTTCGTGGGGTTTCAAAGGAAATGAAAATGGTAGCAGCTCACACGGGATGCTTCCAGATCTG
GGTCTCGGTCAAATCTCGCAGCCGCTTAGCAGTCAGTACTCTGGTGTGCTGGAGCTGTCTCAACAG
GGTAGGAGGCAGCAACACATGGAACTCGGACACACCAGGGGCTATGACTCCACCAGTCAGCAGATG
CACTGGTCACTTTAA

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº: 247, Malus domestica secuencia polipetídica deducida de SPL

MEMGSSSKTESASSSSSSPPNSSAESLNGLKFGRKIYFEDGGFGALHKSSCGSAAGSSSAGATPPK
KQRGGGNLGQPPRCQVEGCEVDLSGAKAYYSRHKVCGLHSKTPTVIVAGLEQRFCQQCSRFHLLPE
FDQGKRSCRRRLAGHNERRRKPPPGSILSTRGRLSSSLYENSSRIGSFLMDFTAYPRFSGRDTWTT
RTSERAPVNQNANDAGKFLQQPWQSNSDISTSGFYLQGSAGGTSYPGPGIPPGECVTVVTDSSCAL
SLLSNQPWGSRNRVLGAGMNSLMNTQGVPVAQPVPHSATSNHFPTTSWGFKGNENGSSSHGMLPDL
GLGQISQPLSSQYSGVLELSQQGRRQQHMELGHTRGYDSTSQQMHWSL

SEC ID Nº: 248, Medicago trunculata ácido nucleico de corta y empalme de **SPL AC170989.2**

ATGGATTCAGGAGGCAACTCTTCTTCAGAAGAGTCCTCACTTAATGGCTTGAAATTTGGCCAACGA
ATCTATTTCGAAGATACAGCTCTTACTGCTGCTTCTGCTGCTGCTGCTAGTACTACCATTGCTGCT
GGTTCTCCTTCTTCTTCTGGTTCAAAGAAAGGAAGAGGTGGGTCAGTTCAACATTCTCAACCACCT
AGGTGTCAAGTTGAAGGATGTAAACTAGATCTGACTGATGCTAAAGCTTACTATTCTAGACACAAA
GTTTGTAGCATGCACTCTAAATCCCCTACTGTTACTGTTTCTGGTCTTCAACAAAGGTTTTGTCAA
CAATGTAGCAGATTTCATCAGCTTGCTGAGTTTGATCAAGGAAAAAGAAGTTGTCGGAGACGACTA
GCTGGTCATAATGAGCGTCGCAGAAAGCCCCCACCCAGCTCTCTCTTAACCTCACGTTTTGCCAGG
CTTTCTTCGTCTGTTTTTGGTAACAGCGACAGAGGTGGCAGCTTTTTGATGGAATTTGCTTCAAAT
CCGAAACATAGTCTGAGGAATTCACCCGGAAATCAAACCACAGCAATCGGTTGGCCTTGGCCGGGG
AACACGGAGTCGCCATCTAGCAACCTTTTCTTGCAAGGTTCGGTGGGTGGGACAAGCTTCCCTGGT
GCCAGGCATCCTCCCGAGGAAACTTACACTGGAGTCACAGATTCAAACTGTGCTCTCTCTCTTCTG
TCAAATCAAACATGGGGTTCTCAAAACACAGAACCAAGTCCTGGATTGAATAACATGCTGAATTTC
AACGGGACACCCATGACACAACTTGGTACATCTTCTCATGGTGTAGCCATGCATCAAATTCCAAAC
AATTACGAGGTTGTCCCTGATCTTGGTCGGGGTCACATTTTGCATCCTCTTGGTAGCCAACACTCT
GGCGAGCTTGATCTGTTGCAGCAGGGAAGGAGGCATTATATGGATGTAGAACATTCCAGGGCCTAT
GAATCTTCTCAGTGGTCACTGTAA

SEC ID Nº: 249, Medicago trunculata secuencia polipetídica deducida de SPL

MDSGGNSSSEESSLNGLKFGQRIYFEDTALTAASAAAASTTIAAGSPSSSGSKKGRGGSVQHSQPP
RCQVEGCKLDLTDAKAYYSRHKVCSMHSKSPTVTVSGLQQRFCQQCSRFHQLAEFDQGKRSCRRRL
AGHNERRRKPPPSSLLTSRFARLSSSVFGNSDRGGSFLMEFASNPKHSLRNSPGNQTTAIGWPWPG
NTESPSSNLFLQGSVGGTSFPGARHPPEETYTGVTDSNCALSLLSNQTWGSQNTEPSPGLNNMLNF
NGTPMTQLGTSSHGVAMHQIPNNYEVVPDLGRGHILHPLGSQHSGELDLLQQGRRHYMDVEHSRAY
ESSQWSL

SEC ID Nº: 250, Nicotiana bentamiana secuencia de ácido nucleico de SPL contigua de **CK284078.1, CK294165**

ATGGAACTTCTGGCTTCTGCTTCTTCTTCTACTTCTACTAATTCTACTTCCCCTGACTCTCCTCCC
AACACTTTAAAATTTGGTCAAAAAATCTACTTTGAGCATGTTGGACTTCAGCACCTCAAATCAGCA
ACTGGGTCGTCGTCGTCATCGCCGCCGGTCATCGGAACTCCGGCGCCGGCGATGTCCAAGAAAGGA
AGAGGGGGTGGTGTAGTTCAAGGTCGGCAACCACCTAGGTGTCAAGTTGAAGGGTGTGAAGCAGAT
CTGAGTGATGTTAAGGCTTACTATTCAAGGCACAAAGTCTGTGCTACACATTCTAAGTCTCCTGTG
GTCATTGTTGCTGGTCTTGAACAAAGATTTTGTCAACAGTGTAGCAGGTTTCATCGGTTGCCAGAA
TTTGACCAAGGGAAACGCAGTTGCCGCAGGCGCCTAGCAGGCCATAATGAGCGTCGGAGGAAACCT
CCACCTGGATCTCTTTTGTCTAATCGCTATGGAAGTCTTTCTTCATCAATATTTGAAAACAATGGC
AGATCTGGAAGTTTTCTGGTTGACTTCACTGCATATCCGAATCTCACTGGAGGTGCATGGCCAAAT
ACTAGATCATCTGATCGAGGATGGGATAATCAATCCACTGCGTCAGGGAAGCTTCTCCAAAGTCAT
TGGCTGAACAGTTCTGAAAATCCGACATCCGACCTTGTTCTGCAAGGTTCAGTTGCTAGGGGTGCC

FIGURA 5 (continuación)

AATTATTCTGGTCCTGGTATTATTCCTTCCGGAAACTGCTTCTCTGGAGTCTCAGATTCCAATGGT
GCTCTCTCTCTTCTGTCAAATGAGCCATGGGGCTCGAGGAACCAATCCTCTAGCCTCGGGGTTAAC
GGCTTGGTCAACACTGATGGCGGACATACCGTTCACCCATCGGGTTCCCATGCTGCTCCTGTCAAT
CACTACTCAGGCCCTCTATGGGGATTTAAAGGAAATGAAGCTAGTAGCAGTTCACATGCAATACCT
CCTGATCTCGGGCTGGGTCACATTTCTCAACATGCTGTCAATCAGTACTCTGGTGAGCCTGGGATG
GCTCAGCACAGTGGAAGACAGTACATGGGACTGGAGCATTCAAAGGGTTATAATTCTTCTGTTCAG
AATGTGCACTGGACACTTTGA

SEC ID Nº 251, Nicotiana bentamiana SPL secuencia polipeptídica deducida

MELLASASSSTSTNSTSPDSPPNTLKFGQKIYFEHVGLQHLKSATGSSSSSPPVIGTPAPAMSKKG
RGGGVVQGRQPPRCQVEGCEADLSDVKAYYSRHKVCATHSKSPVVIVAGLEQRFCQQCSRFHRLPE
FDQGKRSCRRRLAGHNERRRKPPPGSLLSNRYGSLSSSIFENNGRSGSFLVDFTAYPNLTGGAWPN
TRSSDRGWDNQSTASGKLLQSHWLNSSENPTSDLVLQGSVARGANYSGPGIIPSGNCFSGVSDSNG
ALSLLSNEPWGSRNQSSSLGVNGLVNTDGGHTVHPSGSHAAPVNHYSGPLWGFKGNEASSSSHAIP
PDLGLGHISQHAVNQYSGEPGMAQHSGRQYMGLEHSKGYNSSVQNVHWTL

SEC ID Nº 252, Oryza sativa SPL secuencia de ácido nucleico **XM_483285**

ATGGAGATGGCCAGTGGAGGAGGCGCCGCCGCCGCCGCCGGCGGCGGAGTAGGCGGCAGCGGCGGC
GGTGGTGGTGGAGGGGACGAGCACCGCCAGCTGCACGGTCTCAAGTTCGGCAAGAAGATCTACTTC
GAGGACGCCGCCGCGGCAGCAGGCGGCGGCGGCACTGGCAGTGGCAGTGGCAGCGCGAGCGCCGCG
CCGCCGTCCTCGTCTTCCAAGGCGGCGGGTGGTGGACGCGGCGGAGGGGGCAAGAACAAGGGGAAG
GGCGTGGCCGCGGCGGCGCCACCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCGGTGCCAGGTGGAGGGGTGCGGC
GCGGATCTGAGCGGGATCAAGAACTACTACTGCCGCCACAAGGTGTGCTTCATGCATTCCAAGGCT
CCCCGCGTCGTCGTCGCCGGCCTCGAGCAGCGCTTCTGCCAGCAGTGCAGCAGGTTCCACCTGCTG
CCTGAATTTGACCAAGGAAAACGCAGCTGCCGCAGACGCCTTGCAGGTCATAATGAGCGCCGGAGG
AGGCCGCAAACCCCTTTGGCATCACGCTACGGTCGACTAGCTGCATCTGTTGGTGAGCATCGCAGG
TTCAGAAGCTTTACGTTGGATTTCTCCTACCCAAGGGTTCCAAGCAGCGTAAGGAATGCATGGCCA
GCAATTCAACCAGGCGATCGGATCTCCGGTGGTATCCAGTGGCACAGGAACGTAGCTCCTCATGGT
CACTCTAGTGCAGTGGCGGGATATGGTGCCAACACATACAGCGGCCAAGGTAGCTCTTCTTCAGGG
CCACCGGTGTTCGCTGGCCCAAATCTCCCTCCAGGTGGATGTCTCGCAGGGGTCGGTGCCGCCACC
GACTCGAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACCCAGCCATGGGATACTACTACCCACAGTGCCGCT
GCCAGCCACAACCAGGCTGCAGCCATGTCCACTACCACCAGCTTTGATGGCAATCCTGTGGCACCC
TCCGCCATGGCGGGTAGCTACATGGCACCAAGCCCCTGGACAGGTTCTCGGGGCCATGAGGGTGGT
GGTCGGAGCGTGGCGCACCAGCTACCACATGAAGTCTCACTTGATGAGGTGCACCCTGGTCCTAGC
CATCATGCCCACTTCTCCGGTGAGCTTGAGCTTGCTCTGCAGGGGAACGGTCCAGCCCCAGCACCA
CGCATCGATCCTGGGTCCGGCAGCACCTTCGACCAAACCAGCAACACGATGGATTGGTCTCTGTAG

SEC ID Nº 253, Oryza sativa SPL secuencia polipeptídica deducida

MEMASGGGAAAAAGGGVGGSGGGGGGGDEHRQLHGLKFGKKIYFEDAAAAAGGGGTGSGSGSASAA
PPSSSSKAAGGGRGGGGKNKGKGVAAAAPPPPPPPRCQVEGCGADLSGIKNYYCRHKVCFMHSKA
PRVVVAGLEQRFCQQCSRFHLLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRRPQTPLASRYGRLAASVGEHRR
FRSFTLDFSYPRVPSSVRNAWPAIQPGDRISGGIQWHRNVAPHGHSSAVAGYGANTYSGQGSSSSG
PPVFAGPNLPPGGCLAGVGAATDSSCALSLLSTQPWDTTTHSAAASHNQAAAMSTTTSFDGNPVAP
SAMAGSYMAPSPWTGSRGHEGGGRSVAHQLPHEVSLDEVHPGPSHHAHFSGELELALQGNGPAPAP
RIDPGSGSTFDQTSNTMDWSL

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº 254, Oryza sativa SPL II secuencia de ácido nucleico de corte y empalme de **AC108762**

ATGGCGACCGGCGGCAGCGGCGGCGGCGGCGGAGGTGGAGGTGGTGGTGACGATGTCCACGGGCTC
AAGTTCGGCAAGAAGATCTACTTCGAGCAGGACGCGGCGGCGTCGGCGTCGGCGGCGGCGGTGGAG
TCGTCGTCGACGTCGTCGGGCGGAGGCGGCAAGAAGGGGAAGGGCGTGGCGGCGGCGGCGGCGCCC
CCGCCGCCGCTGCCGCCGAGGTGCCAGGTGGAGGGTTGCGGCGTGGATCTGAGCGGCGTCAAGCCG
TACTACTGCCGCCACAAGGTGTGCTACATGCACGCCAAGGAGCCCATCGTCGTCGTCGCCGGCCTC
GAGCAGCGCTTCTGCCAACAGTGCAGCAGGTTCCACCAATTACCTGAATTTGATCAAGAAAAAAAA
AGCTGCCGCAGACGCCTTGCAGGTCACAATGAACGCCGGAGGAAGCCGACACCTGGACCTCTTTCT
TCTCGCTATGGCCGGCTTGCTGCATCCTTTCATGAAGAGCCAGGCAGGTCCAGAAGCTTTGTGGTA
GATTTCTCATACCCAAGGGTTCCAAGCAGTGTGAGGGATGCGTGGCCTGCTATTCAGCCCAGCGAT
CGCATGTCCGGTTCAATCCAGTGGCAAGGGGGCCATGAACTCCATCCTCACCGCAGCGCAGTTGCG
GGATACAGTGATCACCATGCGTTCAGCAGCCATGGTGGCTCAGCGGCTGGGGCACCAATGCTCCAC
CACCCAGCCTTTGAGCTCACCTCAGGTGGATGTCTCGCGGGAGTCGCCACCGACTCCAGCTGTGCT
CTCTCTCTTCTGTCAACTCAGCCATGGGATACTACCCAAAGCACCAGCAGCCACAACCGGTCCCCG
CCAATGTCGTCAACGGCCAGCGCCTTCGGAGGCGGCAACAACCCGGTGTCGCCCTCGGTCATGGCA
AGCAACTACATGGCGGCGAGCCCCGGCTGGAACAGCTCCAGCCGGGGCCATGACGGCGCCAGGAAC
GTGCACCTGCCGCCACCGCACGGGGTTGTGCTGAACGAGGTCCCTCCGGGCTCTGTCCACCACGGC
CATTTCTCCGGCGAGCTCGAGCTCGCACTGCAGGGAGGTGCCCCGTCCAACCGGCCGGAAGCCGAG
CATGGCTCCGGCAGCGGCGCCTTCAGCCACTCCACCAATGCCATGAACTGGTCTCTGTAG

SEC ID Nº 255, Oryza sativa SPLII secuencia polipeptídica deducida

MATGGSGGGGGGGGGGDDVHGLKFGKKIYFEQDAAASASAAAVESSSTSSGGGGKKGKGVAAAAAP
PPPLPPRCQVEGCGVDLSGVKPYYCRHKVCYMHAKEPIVVVAGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQEKK
SCRRRLAGHNERRRKPTPGPLSSRYGRLAASFHEEPGRSRSFVVDFSYPRVPSSVRDAWPAIQPSD
RMSGSIQWQGGHELHPHRSAVAGYSDHHAFSSHGGSAAGAPMLHHPAFELTSGGCLAGVATDSSCA
LSLLSTQPWDTTQSTSSHNRSPPMSSTASAFGGGNNPVSPSVMASNYMAASPGWNSSSRGHDGARN
VHLPPPHGVVLNEVPPGSVHHGHFSGELELALQGGAPSNRPEAEHGSGSGAFSHSTNAMNWSL

SEC ID Nº 256, Solanum tuberosum SPL secuencia de ácido nucleico contigua de **CK246692.1, CK254420.1**

ATGGAACTGGGTTCAGTTTCTTCTTCTGGTAATTCAAGCTCATCTGATTCTTTGAATGGTTTGAAG
TTTGGTAAGAAAATCTACTTTGGAAATGTGGGTGTTGGAGTTCAGGTCAAGAATGGAAGTGGGTCG
TCGCCGGTGACCGGAGATGGGAACATGCCACCGGCTCCGGCGACGACTAAGAGGGGGAGGGGTGGG
TTGGTGCAGGGTGGTCATCCACCTAGGTGTCAAGTTGAAGGTTGTCAGGCAGATCTGAGTGATGCT
AAGGCTTACTATTCAAGGCATAAAGTTTGTGGTATGCACTCTAAGTCTCCTACTGTTGTTGTTGCT
GGTCTTGAACAGAGGTTTTGCCAACAGTGTAGCAGGTTCCATCAATTAACTGAATTCGACCAGGGG
AAAAGGAGTTGCCGCAGGAGACTGGCATGCCATAATGAGCGTCGTAGGAAGCCTCCATCTGGATCT
CTTTTCTCTACACACTACGGGAATCTTTCTTCATCAATATTTGAAAATAATAGCAGCAGATCCGGA
AGCTTTCTGGTCGACTTCAGCTCACACCAAAATGTCAATGATAGTTCATGGCCAAATACTCGAGCA
TCTGAACAAGGATGGGATCATCAATCATCAGGGAAGTTCCTTCAACGTCCTTGGCTGAATAACTCT
GAAAATGCTGCCAGTGAGCTTGTTTTGCAAGGTTCAGCTACCAGGACCAGTTATCCTAGTGTTCCT
TCTGGAGACTATTTTCCTGGAGTCTCAGATTCAAGTGGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCGGTCC
TGGGGATCAAGGAATCGATCTCCAAGTCTTGGGGTTAACAGCCAAGTTCACATTGATGGGGTACAC
ACCATTCAACCTTCAGGTTCTCATGGTGCACCTACCAATCACTTCTCAAGCCCTTCATTGAGTTTT
AAAGGAAATGAAGCTAGCAGCAGTTCACATGAGATGCCTCCTGATCTCGGTTTGGGTCAAATGTTA
CAAGCTTCTGATAATCCATACTGTGGCGAGCTTGGGATGGCTCAGCATGGTGATGGACGACAATAC
ATGGAACTGGACCAGTCCAAGGGTTATCATCCTTCTGTTCAGAATGTGCACTGGACTCTTTGA

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº 257, Solanum tuberosum SPL secuencia polipeptídica deducida

MELGSVSSSGNSSSSDSLNGLKFGKKIYFGNVGVGVQVKNGSGSSPVTGDGNMPPAPATTKRGRGG
LVQGGHPPRCQVEGCQADLSDAKAYYSRHKVCGMHSKSPTVVVAGLEQRFCQQCSRFHQLTEFDQG
KRSCRRRLACHNERRRKPPSGSLFSTHYGNLSSSIFENNSSRSGSFLVDFSSHQNVNDSSWPNTRA
SEQGWDHQSSGKFLQRPWLNNSENAASELVLQGSATRTSYPSVPSGDYFPGVSDSSGALSLLSNRS
WGSRNRSPSLGVNSQVHIDGVHTIQPSGSHGAPTNHFSSPSLSFKGNEASSSSHEMPPDLGLGQML
QASDNPYCGELGMAQHGDGRQYMELDQSKGYHPSVQNVHWTL

SEC ID Nº 258, Vitis vinifera SPL secuencia de ácido nucleico contigua de **CV098277, CV092812.1**

ATGGAAAGGGGTTCGAGCTCTTTGACCGTTTCCAGCTCTTCGGCCAACTCGTCTGAGTCGCTCAAC
GGGTTGAAATTTGGGCAGAAGATATATTTTGAAGATTTGGGCGTTGGAGCTCCGGCCAAATCGGGA
ACCGGCTCCTCCTCCTCCTCCTCTGCCGCCGGCTCCGGTGGTCGCCCACCTCCGGCGCCGCCAAAG
AAGGTAAGAGGTAGTGGGGTTGTTCAGGGAGGCCAACCACCGAGGTGTCAAGTTGAAGGGTGTAAA
CTAGATCTGAGTGATGCCAAAGCTTACTATTCAAGGCATAAAGTGTGTGGTATGCATTCGAAGTCT
CCAACGGTCATTGTTGCGGGCCTTGAGCAGAGGTTTTGCCAGCAGTGTAGCAGATTTCATCAGCTT
GCCGAATTTGACCAAGGAAAACGAAGTTGTCGTAGGCGCCTGGCTGGTCATAATGAGCGTCGCAGG
AAGCCACCACCTGGATCTTTATTGTCCTCACGCTATGGGCGACTTTCTTCATCCATTTTTGAAAAC
AGCAGCAGGGTGGGAGGAGGCTTTCTGATGGACTTTGCTGCATACCCAAGGCATCCCGAGAGGGAT
ACTTGGCCAACTACAAGAGCATCTGATCGGGTACCTGGAAATCAAACCACTGCGATGGGAAGGTTT
CTTCCACATCCATGGCAGAGCAACTCTGAGAATCCTCTCTTTCTGCAAGGTTCAGCCGGCGGGACC
AGCTTTCATGGTCCTGGAATTCCTTCAGGAGAATGTTTCACAGGGGCCTCCGACTCAAGCTGTGCT
CTCTCTCTTCTGTCAAATCAGCCATGGAGCTCCAGGAATCGAGCATCTGGTCTTGGAGCAAACAGC
TTCATGAATCCTGAAGGGGCATCCATGGCGCAACCCACAGCTCCTCATAGTGCAGCTATCAATCAC
TTCCCAAGCACCTCGTGGGATTTCAAGGGCAATGAAGGTAGTAGCAGTTCGCAGGAGATGCCACCT
GATCTTGGTCTTGGTCAAATTTCACAGCCTATTAATAGCCAGTTCTCAGGTGGGGGCGAGTTGCCC
CAACAGAGTGGAAGGCAATACATGGAACTCGAGCACTCCAGGGCTTATGACACTTCCACTCAGCAG
ATGCACTGGTCACTTTAG

SEC ID Nº 259, Vitis vinifera SPL secuencia polipeptídica deducida

MERGSSSLTVSSSSANSSESLNGLKFGQKIYFEDLGVGAPAKSGTGSSSSSSAAGSGGRPPPAPPK
KVRGSGVVQGGQPPRCQVEGCKLDLSDAKAYYSRHKVCGMHSKSPTVIVAGLEQRFCQQCSRFHQL
AEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRKPPPGSLLSSRYGRLSSSIFENSSRVGGGFLMDFAAYPRHPERD
TWPTTRASDRVPGNQTTAMGRFLPHPWQSNSENPLFLQGSAGGTSFHGPGIPSGECFTGASDSSCA
LSLLSNQPWSSRNRASGLGANSFMNPEGASMAQPTAPHSAAINHFPSTSWDFKGNEGSSSSQEMPP
DLGLGQISQPINSQFSGGGELPQQSGRQYMELEHSRAYDTSTQQMHWSL

SEC ID Nº : 260, Zea mays SPL secuencia de ácido nucleico contigua de **EB160653, DY235599, DV029129**

ATGGAGTCCGGCGGTGGCGGGGACGACCAGCTGCACGGCCTCAAGTTCGGCAAGAAGATCTACTTC
GAGGACGCCGCCGGCTCCAGCAGCGGCAGCAGCAGCGGCGGTGGCAGCGCGCCCGCGCCTCCAGCG
ACGCAGCAGCCGTCGCCGCCGGCCGCTTCGCCTAGGGCCCCGGCCGGCGGCGGCAGGAGGGGCAGG
GCCGCGGCCGGCGGCGCGGGCCCCTCGACGGCGCCCGCGCCCGCGCGCTGCCAGGTCGACGGCTGC
AACGTTGACCTCACCGACGTCAAGCCCGCCTACTACTGCCGCCACAAGGTGTGCAAAATGCACTCC
AAGGAGCCCCGCGTCCTCGTCAACGGCCTCGAGCAGCGCTTCTGCCAGCAGTGCAGCAGGTTCCAC
CAGCTGCCTGAATTCGACCAGCTAAAGAAGAGCTGCCGCAAACGCCTCGCAGGCCACAACGAGCGC
CGGAGGAGGCCGCCGCCTGGACCCCTTGCGTCACGATACGGCCGTCACGCTGCGTCGCTCGGCGAG
CCCGGCAGGCTCAGAAGCTTCATGCTGGATTTCTCGTACCCGAGGGTCTCAAGCGCCATGAGGGGT

FIGURA 5 (continuación)

GGGTTTCCCGCGGTGAGGGCCGGTGGTGAAAGGGTGCCTGGCGGGATCCAGTGGCAAGCGGGCTTG
GATCCTCGTCACCACCAAGGCGCGGTCGCGGGATACGGCGCCCACTATGGGAGCGAGGGTGGTAGC
TCGTCGTCGGCGAGGCCGCCGGTGTTCCCTGGCCCGGAGCTGCCCCCAGGTGGATGCCTTGCAGGA
GTCCCCGCGGACTCCAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACTCAGCCATGGGATGCTGCCCACAGC
CACAGCCACAGCCACGCTGCGCCAACAGCGGGTTTCGACGGCGGCAGCCCTGTGGCGCCCTCCCTC
ATGGCGGCGAGTAGCTACATCGCGCCGAGCCCCTGGACCGAGACCGACTCCTGGGGCCACGAAGGC
GGGCGGAGCGTGCCTCAGCTGCCACCTGACGACGTCCCCCTCGGCGAGGTGCACTCCGGCTCGAGC
AGCCACCACGGCCAGTTCTCAGGTGAGCTCGAGCTCGCCCTGCAGGGAAACAGGCCAGCGCCAGGG
TCGGCGGCACCGCCAGCGCCGCGCAATAATCAGGGCTCCGCGGGCACGTTCGACCAGGCTGGCAAC
ACGATGGACTGGTCGCTCTAG

SEC ID Nº 261, Zea mays SPL secuencia polipeptídica deducida

MESGGGGDDQLHGLKFGKKIYFEDAAGSSSGSSSGGGSAPAPPATQQPSPPAASPRAPAGGGRRGR
AAAGGAGPSTAPAPARCQVDGCNVDLTDVKPAYYCRHKVCKMHSKEPRVLVNGLEQRFCQQCSRFH
QLPEFDQLKKSCRKRLAGHNERRRRPPPGPLASRYGRHAASLGEPGRLRSFMLDFSYPRVSSAMRG
GFPAVRAGGERVPGGIQWQAGLDPRHHQGAVAGYGAHYGSEGGSSSSARPPVFPGPELPPGGCLAG
VPADSSCALSLLSTQPWDAAHSHSHSHAAPTAGFDGGSPVAPSLMAASSYIAPSPWTETDSWGHEG
GRSVPQLPPDDVPLGEVHSGSSSHHGQFSGELELALQGNRPAPGSAAPPAPRNNQGSAGTFDQAGN
TMDWSL

SEC ID Nº 262, Zea mays SPL II secuencia de ácido nucleico contigua de **AJ011619, DV033513.1, DY532686.1**

ATGGCGACCGGCGGCGGCAGCAGCAGGAGCGACGACGTGCGCGGGCTCAAGTTTGGCAAGAAGATC
TACTTCGAGCAGGACGGCGGGAGCGGGAGCGGGGCGGGGGCGGTGGGCGGCAGGAAGGGGAAGGGC
GTGGCCACCGGTGGCGCGAGGCCGGCGTCCGCCGCCTCCGCAGCCCAGCCGCCGAGGTGCCAGGTG
GACGGGTGCGGCGTGGATCTGAGCGCCGTCAAGCAGTACTACTGCCGGCACAAGGTGTGCAACATG
CACTCCAAGGAGCCGCGCGTCTTCGTCGCCGGCATCGAGCAGCGCTTCTGCCAACAGTGCAGCAGG
TTCCACCAGCTACATGAATTTGACCAAGGGAAACGTAGCTGCCGCCGCCGCCTCATCGGTCACAAC
GAGCGCCGGAGGAAGCCACCACCTGGACCTCTCACTTCACGATATGGCCGGCTCGCTGCATCACTT
CAAGAGCCTGGCAGGTTCAGAAGCTTCCTGCTCGACTTCTCGTACCCAAGGGTTCCAAGCAGCGTG
AGGGATGCGTGGCCAGGAATCCAGCACGGTGGCGACAGGATGCTGGGCACCGTCCAGTGGCATGGG
CACCAAGAACCTCCTCACCCACACCGCAGTGCAGCTGCTGGCTATGGCAACCATGCTGCATACAAC
TGCCATGGCGGCTTGGTAGCAGGCGGGGCCCCAATGCTCTCCTCTGCCGCCTTTGAGCTCCCGCCT
GGCGGATGTGTCGCGGGAGTTGCCGCCGACTCCAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACTCAGCCA
TGGGACACGACCTCCCACGACCACCGGTCCCCAGCAATGCCCGCGGCCGGCGCCTTCGACGGCACC
CCGGTGGCGCCGTCCGTCATGGCGAGCAGCTACGCGGCGTCGAGCGCCTGGACGGGCTCGCGGGAC
CCCGCTGCCGACGGCGCCAGGAACGCGCAGCGTCTCGACGATGCTCTGCACCTGGTCCACCCAGGC
TCCGCGGCGGTCCACTTCTCCGGCGAGCTCGAGCTCGCCCTGCAGGGAAGCGGCGGGCCGCCACAC
CTGCCGCGCGTCGACCATGGCGGCTCCGGCGGCGGCACCTTCAACCATTCCACCACCAGCGCGATG
AACTGGTCCCTGTAG

SEC ID Nº 263, Zea mays SPL II secuencia polipeptídica deducida

MATGGGSSRSDDVRGLKFGKKIYFEQDGGSGSGAGAVGGRKGKGVATGGARPASAASAAQPPRCQV
DGCGVDLSAVKQYYCRHKVCNMHSKEPRVFVAGIEQRFCQQCSRFHQLHEFDQGKRSCRRRLIGHN
ERRRKPPPGPLTSRYGRLAASLQEPGRFRSFLLDFSYPRVPSSVRDAWPGIQHGGDRMLGTVQWHG
HQEPPHPHRSAAAGYGNHAAYNCHGGLVAGGAPMLSSAAFELPPGGCVAGVAADSSCALSLLSTQP
WDTTSHDHRSPAMPAAGAFDGTPVAPSVMASSYAASSAWTGSRDPAADGARNAQRLDDALHLVHPG
SAAVHFSGELELALQGSGGPPHLPRVDHGGSGGGTFNHSTTSAMNWSL

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº 264, Sorghum propinquum SPL secuencia de ácido nucleico parcial
BF422188

ATGGAGTCCGGTGGCGCCAGTGGCGGCGGCGGCGGGGACGACCAGCTGCACGGCCTCAAGTTCGGC
AAGAAGATCTACTTCGAGGACGCCGCCGCGGTCGGCTCCAGCAGCGGTGGCGGTGGCGGTGGCAGT
GGCAGTGCTAGCGCGACCCCCGCGCCTCCAGCGACGCAGCAGCCGTCCCCGCCGCAGGCCGCTTCG
CCCAGGGCAGCCAGCGGCGGCGGCGGCAGGAGGGGCAGGGCCGCGGGCGGCCCCTCCCCGGCGCCC
GCGCCCGCGCGCTGCCAGGTCGACGGCTGCAACGTGGACCTCACCGACGTCAAGCCCTACTACTGC
CGCCACAAGGTCTGCAAAATGCACTCCAAGGAGCCCCGCGTCGTCGTCAACGGCCTCGAGCAGCGC
TTCTGCC

SEC ID Nº : 265, Sorghum propinquum SPL secuencia polipeptídica deducida parcial

MESGGASGGGGGDDQLHGLKFGKKIYFEDAAAVGSSSGGGGGGSGSASATPAPPATQQPSPPQAAS
PRAASGGGGRRGRAAGGPSPAPAPARCQVDGCNVDLTDVKPYYCRHKVCKMHSKEPRVVVNGLEQR
FC

SEC ID Nº : 266, Allium cepa SPL secuencia de ácido nucleico parcial
CF444518.1

ATGGAAATGGGTTCGAGCTCTGAGCCAATTTCTGACTCTCTCGATGGGCTCACATTCGGCGAAAAA
ATTTACTTTGAAGATTCCACTACCAGTACTGCAAGTACTACTAGCAATACAATTGCTGCTCCTCCC
AAAAAGGGAAAATCTTTAGCTTCTTCGTCCACTAATATCAACTCTAATCAGCAACAAATAAGCATA
CCTAGATGCCAGGTTGAAGGATGCAAAGTTGATTTGACTGGAGCTAAAGCCTATTACTGCAGGCAT
AAGGTTTGCGGAGTTCATTCAAAATCACCAAAAGTTGTGGTTGCTGGAATTGAACAGAGGTTTTGT
CAGCAGTGCAGCAGGTTCCACCAGTTGCAAGAATTTGACCAAGGAAAAAGAAGCTGCCGCAGACGC
CTAGCTGGACACAATGAGCGTCGTAGAAAGCCGCCTCCAGGCCCTTCCCGTTATGGAAGGATGTCA
TCATCTGTCTATGATGGCAGTAACAGATTCAGAGGATTCCTGATGGACTTCAGTTACCCGAGGCCC
ATACAGCCTCCTCCAGGAGATCATCTATGGCCTAGACTGTCCAACATTCCATCATACCCAGCAAAC
CCAAACACTGCATCTAACATTCATGTTGCTCAACCGTACATGCATGCAATGAATCACTACAGTTCC
GAGCTTCCACACAGGAATACATGGTCTGGCGTCTGCGACTTGAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCA
CTCAAC

SEC ID Nº 267, Allium cepa partial SPL secuencia polipeptídica deducida parcial

MEMGSSSEPISDSLDGLTFGEKIYFEDSTTSTASTTSNTIAAPPKKGKSLASSSTNINSNQQQISI
PRCQVEGCKVDLTGAKAYYCRHKVCGVHSKSPKVVVAGIEQRFCQQCSRFHQLQEFDQGKRSCRRR
LAGHNERRRKPPPGPSRYGRMSSSVYDGSNRFRGFLMDFSYPRPIQPPPGDHLWPRLSNIPSYPAN
PNTASNIHVAQPYMHAMNHYSSELPHRNTWSGVCDLSCALSLLSLN

SEC ID Nº : 268, Antirrhinum majus SPL secuencia de ácido nucleico parcial
AMA011623

TCAGCTGCTGGTGGAGCAGAGGAATCTCTCAATGGGTTGAAGTTTGGCAAGAAAATATACTTTGAG
GAGGCTAAGGCAAAGAAAGGGAAGAGTACCGGTGGGGTGGTTAGGTGCCAGGTGGAGGGGTGTGAG
GTAGATCTGAGTGATGCTAAGGCTTACTATTTGAGACACAAAGTTTGTAGTATGCATTCAAAGTCT
CCAAAGGTCATTGTTGCTGGAATAGAACAAAGGTTTTGCCAGCAGTGCAGCAGGTTCCATCAATTG
CCTGAATTTGACCAAGGAAAACGGAGTTGCCGCAGACGCCTTGCAGGCCACAACGAACGTCGGAGG
AAGCCATCTCCAGGATCTATGATGTCTCCTTACTATGGAAGTCTTTCTCCAACCTTATTTGATAAC
CAAAATAGAACTGGAGGCTTTTTGATGGACTTCAGCACTTACCCAAATCTCGCTGGGAAAGATTCA
TGGCCAAATACAATACCCGAACGAGGATTGGGAGGTCCAGCAAGTCCATGGCAGAGCGACATGCAA

FIGURA 5 (continuación)

AATCCTGTACCTGAGTTTTTGCGAGGTACAACAAATAGGCCAAGTTTTTCTGGTCTTGGAGTATCT
TCCGAAGAATGTTTTAGCGGAGTCTCTAATTCCAGCACTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCAGTCC
TGGGGCTCCAGAAACTCGAACAATTTTCTTGGTACCAATGGAAACGGGCCAACCATAGTTCAGCCG
TCTATTAACCCTGGTGCCACAATTGGACAGTTTACCTGTCCCTCTTGGGGTTTTGGAGGCAACCCA
GCTGATAACACCTCCCATGATATGCCTCCCAATCTGAATTTAGGACAATTTTCTCACTCCAGTAAC
AGTCACTATACTGGAGAGCCTGGGGTAGTCCAACTGAGCCACGGACAATTCCAGGACCTCGATCAC
TCAAGAGGCTATGATTCTTCCGTTCAGGACATGCATTGGTCACTT

SEC ID Nº 269, Antirrhinum majus SPL secuencia polipeptídica deducida parcial

SAAGGAEESLNGLKFGKKIYFEEAKAKKGKSTGGVVRCQVEGCEVDLSDAKAYYLRHKVCSMHSKS
PKVIVAGIEQRFCQQCSRFHQLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRKPSPGSMMSPYYGSLSPTLFDN
QNRTGGFLMDFSTYPNLAGKDSWPNTIPERGLGGPASPWQSDMQNPVPEFLRGTTNRPSFSGLGVS
SEECFSGVSNSSTALSLLSNQSWGSRNSNNFLGTNGNGPTIVQPSINPGATIGQFTCPSWGFGGNP
ADNTSHDMPPNLNLGQFSHSSNSHYTGEPGVVQLSHGQFQDLDHSRGYDSSVQDMHWSL

SEC ID Nº 270, Brassica napus SPL secuencia de ácido nucleico parcial **CX189447**

GACTTGGAGAAAAGAAGTTGTAGAAGACGTCTAGCTTGTCATAACGAAAGAAGAAGAAAGCCCCAA
GCAACAACAGCAGCTCTTTTGGCTTCTGGTTACTCTAGAATCGCTCCATCTCTTTACGGAAGCGTT
TTGGGAGATCCTACAACGTGGTCAACCGCAAGATCTGTGATGGGACGGTCCGCACCGTGGGATAGC
CATCAACTGATGAACGTTTTGTCACAGGGAAGTTCAAGGTTTAGTATAACATACCCAGAGATGGTG
AACAATAATAGCACAGACTCAAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAACTCAAACACAACTCAGCAG
CAGCAGCAGACATCAACCAATGCTTACTTGATGGACGCAGAAAGGGTTACAATGGCTAAGTCACCG
CCTGTTTCAGTACACAATCAGTACTCGAAACAAACCTGGGAGTTCATGTCAGGCGAAAAGAGCAAT
TGGCCTTGTGTGTCGTCCCCTGTTTTGGGACTGAGACAAATCTCTGAGCCAGATGATGACCTCCAG
TTCCTGATGAGCAATGGCACCACAATGGGTGGATTCGAGCTGAACCTACAGCAGGAGCAGGTTCTG
AGGCAATACTCTTCTACTCAAAATTTTACTTGGCCTCTT

SEC ID Nº 271, Brassica napus SPL secuencia polipeptídica deducida parcial

DLEKRSCRRRLACHNERRRKPQATTAALLASGYSRIAPSLYGSVLGDPTTWSTARSVMGRSAPWDS
HQLMNVLSQGSSRFSITYPEMVNNNSTDSSCALSLLSNSNTTQQQQQTSTNAYLMDAERVTMAKSP
PVSVHNQYSKQTWEFMSGEKSNWPCVSSPVLGLRQISEPDDDLQFLMSNGTTMGGFELNLQQEQVL
RQYSSTQNFTWPL

SEC ID Nº 272, Saccharum officinarum SPL partial nucleic acid sequence contig of CA113070, CA254724

CTCGTCGTCAACGGCCTCGAGCAGCGCTTCTGCCAGCAGTGCAGCAGGTTCCACCAGCTGCCTGAA
TTTGACCAACTAAAGAAAAGCTGCCGCAGACGTCTTGCAGGCCACAATGAACGCCGGAGGAGGCCA
CCTCCTGGACCTCTTGCATCACGATATGGTCGCCTTGCTGCATCATTTGGTGAGCCCGGCAGGTTC
CGAAGCTTTATGTTGGATTTCTCATACCCAAGGGTTCCAGGCACCATGAGGGATGGGTTTCCGGCA
GTTCGACCTGGCGAAAGGGTGCCTGGTAGTATCCAGTGGCAAGCGGGCTTAGATCCTCATCATCAT
CAAAGCGCGGTCGCAGGATACGGTGCCCACTCATATGGGAGCCAGGGTAGCTCGTCGTCGTCAAGG
CCACCGGTGTTCCCTGGTCCAGAGCTCCCCCCAGGTGGATGTCTTGCAGGAGTCCCCTCGGACTCT
AGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACTCAGCCATGGGATACTACCCACAGCGCCGGCCACAGCCAT
GCTGGATCAATGCCTGCAACAGCAGGTTTTGACGGCAACCCTGTGGCACCCTCCCTCATGGCGAGT

FIGURA 5 (continuación)

AGCTACATTGCGCCAAGCCCCTGGACTGACTCCCGGGGCCATGAAGGCGGGCGGAACGTGCCTCAG
TTGCCACCTGACGTCCCCCTCAGCGAGGTGCACTCTGGCTCAAGCAGCCATCACGGCCAGTTCTCA
GGTGAGCTCGAGCTTGCCCTGCAGGGAAACAGGCCAGCACCAGGGTCAGCGCCAGCGCCGCGCAAT
GATCAGGGCTCCACGGGCACGTTCGACCAGTCCGGCAACACAATGGACTGGTCGCTCTAG

SEC ID Nº): 273, Saccharum officinarum secuencia polipeptídica deducida parcial **SPL**

LVVNGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQLKKSCRRRLAGHNERRRRPPPGPLASRYGRLAASFGEPGRF
RSFMLDFSYPRVPGTMRDGFPAVRPGERVPGSIQWQAGLDPHHHQSAVAGYGAHSYGSQGSSSSSR
PPVFPGPELPPGGCLAGVPSDSSCALSLLSTQPWDTTHSAGHSHAGSMPATAGFDGNPVAPSLMAS
SYIAPSPWTDSRGHEGGRNVPQLPPDVPLSEVHSGSSSHHGQFSGELELALQGNRPAPGSAPAPRN
DQGSTGTFDQSGNTMDWSL

SEC ID Nº 274, Festuca arundinacea SPL secuencia de ácido nucleico parcial **DT706587.1**

GGCACGAGGGTGGATCTGAGCGGCTCCAAGACCTACTACTGCCGCCACAAGGTCTGCTCCATGCAC
TCCAAGGCGCCCCGCGTCGTCGTCGCCGGCCTCGAGCAGCGCTTCTGCCAGCAGTGCAGCAGGTTC
CACCAGTTGCCTGAATTTGACAATGGAAAACGCAGCTGCCGCAGACGTCTCGCAGGTCACAATGAA
CGCCGTAGGAAGCCGCCTCCTGGCCCTCTGGCGTCACGCTATGGCCGACTCGCTGCATCCTTTGAA
GAACCGGGCAGGTACAGAAGCTTTCTGTTAGATTTCTCCTACCCAAGGGTTCCGAGCAGCGTGCGG
GATGCTTGGCCTGCAGTTCGACCAGGCTACCGTATGCCCAGTGAAATCCAGTGGCAAGGGAACCTA
GACCTGCGTCCTCACACGGGTTATGGCCCACATGCATA
TGGCAGCCACGGCTTCCCCGGTCCAGAGCTCCCTCCAGGCGGGTGTCTCACAGGGGTCGCCACCGA
CTCCAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACTCAGCCATGGGATACCACCACCCACGGTGCCAGCCA
CGACCATCGGTCTGCGGCCATGTCCGCGGCCGCGGGCTTCGACGGCAGCCCTGCGGCAGTGTCACC
CTCCATCATGGCGAG

SEC ID Nº 275, Festuca arundinacea secuencia polipeptídica deducida parcial **SPL**

gtrvdlsgsktyycrhkvcsmhskaprvvvagleqrfcqqcsrfhqlpefdngkrscrrrlaghne
rrrkpppgplasrygrlaasfeepgryrsflldfsyprvpssvrdawpavrpgyrmpseiqwqgnl
dlrphtgygphaygshgfpgpelppggcltgvatdsscalsllstqpwdttthgashdhrsaamsa
aagfdgspaavspsima

SEC ID Nº 276, Motivo 1

(G/T)L(K/R/M/Q)FG(K/Q/R)(K/R/E)(I/V)YF(E/G)

SEC ID Nº : 277, Dominio de unión a ADN (DBD) de SPL del factor de transcripción **Arath_SPL15**

TARCQVEGCRMDLSNVKAYYSRHKVCCIHSKSSKVIVSGLHQRFCQQCSRFHQLSEFDLEKRSCRR
RLACHNERRRKP

SEC ID Nº 278, Motivo 2

DS(S/N/T)(C/G/R)ALSLLS(N/T)

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº 279, Oryza sativa Promotor HMG **r**

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAAAGAGG
CGCATTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACAACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCCAAAAATA
TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT
TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCCTCGCCCTTCTCGCAGG
ATTCAGCC

SEC ID Nº 280, cebador **prm07277**

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGAGTTGTTAATGTGTTCG

SEC ID Nº 281, cebador **prm07278**

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTGATGAAGATCTTAAAAGGTGA

SEC ID Nº 282, Brassica rapa secuencia de ácido nucleico **SPL**

ATGGATAGGGGTTCCAACTCGGGTCTTGGTCTTGGTCCAGGCCAGACAGAGTCGGGTGGTTCATCC
ACTGAGTCATCCTCTTTAAGTGGAGGGCTCATGTTTGGCCAGAGGATCTACTTCGAGGACGCTGGA
GGTGGAACCGGGTCTTCTTCCTCCGGCGGGTCAAACAGAAGGGTACGTGGAAGCGGGTCGGGTCCT
TCGGGTCAGATACCAAGGTGTCAAGTGGAAGGTTGTGGAATGGATCTAACCAATGCAAAGGGTTAT
TACACGAGGCATAGAGTTTGTGGAATGCACTCTAAAACACCAAAAGTCATTGTCGCTGGTATAGAA
CAAAGGTTTTGTCAACAGTGCAGCAGGTTTCATCAGCTTCCGGAATTTGACCTAGAGAAAAGGAGT
TGCCGTAGGAGACTCGCTGGTCATAATGAGAGACGAAGGAAGCCACAGCCTGCGTCTCTATCTGTG
TTGTCTTCTCGTTATGGGAGGATCACTCCTTCTCTATACGGAAATGGTGAAACTACAATGAATGGG
AGCTTTCTTGGTTCCCAAGAAATGGGTTGGAATAGTGCAAGAACGTTGGATACAAGAGTGATGAGA
CGGCCACCGTCGTGGCAGATCAATCCTATGAATGTGTTTAGTCATGGATCAGTAAGTGGAGGAGGA
GGAGGAGGGATAAGCTTCTCATCTCCAGAGATTATGGACACTAAACCAGAGAGCTACAAGGGAATT
GGCAGCGACTCAAACTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAACCCACATCAGCCACATGACAACAACAAC
AGCAACAACACATGGAGAACTTCTTCGGGTTTTGGTCCGATGACGGTTACAATGGCTCAGCCACCA
CCTGCACCTAGCCAGCAGCATCAGTATCTGAACCCGCCTTGGGTATTCAAGGACGATGATAATAGC
TGTCCGAATGATATGTCTCCTGTTTTGAATCTTGGTCGGTTCACCGAGACAGAGATAAGCGGTGGA
ACGACTTTGGGTGAGTTCGAGTTATCTGACCATCATCATCAGAATAGGAGGCAGTACATGGAAAGT
GAGAACACAAGGGCTTATGGCTCTTCTTCACACCATAACAACTGGTCTCTCTGA

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº 283, Brassica rapa secuencia polipeptídica traducida de SPL

MDRGSNSGLGLGPGQTESGGSSTESSSLSGGLMFGQRIYFEDAGGGTGSSSSGGSNRRVRGSGSGP
SGQIPRCQVEGCGMDLTNAKGYYTRHRVCGMHSKTPKVIVAGIEQRFCQQCSRFHQLPEFDLEKRS
CRRRLAGHNERRRKPQPASLSVLSSRYGRITPSLYGNGETTMNGSFLGSQEMGWNSARTLDTRVMR
RPPSWQINPMNVFSHGSVSGGGGGGISFSSPEIMDTKPESYKGIGSDSNCALSLLSNPHQPHDNNN
SNNTWRTSSGFGPMTVTMAQPPPAPSQQHQYLNPPWVFKDDDNSCPNDMSPVLNLGRFTETEISGG
TTLGEFELSDHHHQNRRQYMESENTRAYGSSSHHNNWSL

SEC ID Nº 284, Glycine max secuencia de ácido nucleico de SPL

ATGGCTTCAGACGCCAAACTCTCCTCTTCTGAGTCCCTCAACGGTTTGAAATTCGGCCAAAAAATC
TATTTTGAGGATGTTGGTCTTGCTACTCCAGCCACCTCTCTTACTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT
GCTGCTACTGTTACTTCTTCTTCTTCTTCAAGGAAAGGAAGAGGTGGGTCTGTTCAACCAGCTCAA
CCTCCCAGGTGTCAAGTTGAAGGGTGCAAAGTAGATCTGAGTGATGCAAAAGCTTACTATTCTAGA
CACAAGGTCTGTGGCATGCACTCTAAATCCCCTTCAGTCATTGTTGCTGGTCTTCAACAAAGGTTT
TGTCAACAGTGTAGCAGGTTTCATCAGCTTCCTGAGTTTGATCAAGGAAAAAGAAGTTGCCGTAGG
CGACTAGCTGGCCATAATGAACGTCGGAGAAAGCCCCCAACAAGCTCCCTCTTAACCTCTCGCTAT
GCCAGACTTTCTTCGTCTGCTTTTGATAATAGTGGCAGAGGTAGCAACTTTCTGATGGAATTGACT
TCATACCCAAAGCTTAGTCTGAGAAATTCACTTCCAACTCCTAGATCATCTGAGCTAGCTCCTGGA
AATCAAACCTCCACACTTAGCTGGAATGGCAACTCAGAGACATCATCTGACCTTTTCTTGCAAGGT
TCGGTGGGTGGGACAAGCTTCGCCAGCCCGGGACATCCTCCAGGGGAAAGTTACATTGGGGTCACC
GACACGAGCTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCAAACATGGGGTTCTAGAAACACAGCACCAAGT
CTTGGGTTGAGTAACATGATAAATTTCAACGGGACACCCTTGACACAACTTGCTGCATCATCTCAT
GGTGCATCAATCCATCAACTTCCAAATACCTCGTGGTTTTTCAAGGGCATTGATTCTGGTAACTGT
TCGCCCGAGGTGGTCCCTGATCTAGGTCTCGGTCAGATTTCACAGCCTCTCAATAGCCAACTTCAT
GGTGAGCTGGACCTGTCCCAACAGGGCAGGAGGCATTATATGGATCTAGAACAGTCCAGGGCATAT
GAATCTGCTCATTGGTCACTTTAA

SEC ID Nº 285, Glycine max secuencia de ácido nucleico de SPL

MASDAKLSSSESLNGLKFGQKIYFEDVGLATPATSLTSSSSSSSAATVTSSSSSRKGRGGSVQPAQ
PPRCQVEGCKVDLSDAKAYYSRHKVCGMHSKSPSVIVAGLQQRFCQQCSRFHQLPEFDQGKRSCRR
RLAGHNERRRKPPTSSLLTSRYARLSSSAFDNSGRGSNFLMELTSYPKLSLRNSLPTPRSSELAPG
NQTSTLSWNGNSETSSDLFLQGSVGGTSFASPGHPPGESYIGVTDTSCALSLLSNQTWGSRNTAPS
LGLSNMINFNGTPLTQLAASSHGASIHQLPNTSWFFKGIDSGNCSPEVVPDLGLGQISQPLNSQLH
GELDLSQQGRRHYMDLEQSRAYESAHWSL

SEC ID Nº 286 Populus tremuloides secuencia de ácido nucleico de SPL

ATGGAAATGGATTCAGGCTCCCTAACCGAGTCAGCTACTTCCAATGCAACTTCTCCGCCAGCTGAG
TCTGTTAATGGATTGAAATTTGGTAAGAAGATTTACTTTGAGGATCACGTGGGGGTCGGTGCTCCG
GCTAAGAGCGGAACTGGGTCATCCTCATCCGGTTCCGGGTCAGGGTCATCTAGGAAGGCTCAAGGT
GGACAGCACCAGCAGCCACCAAGGTGTCAAGTTGAAGGGTGCAAAGTAGATCTGAGTGATGCTAAG
ACTTACTATTCAAGGCACAAAGTTTGTAGTATGCACTCCAAGTCTCCTAGAGTTATTGTTGCTGGT
TTGGTGCAAAGATTTTGCCAGCAATGTAGCAGATTTCATCTACTTCCTGAATTTGACCAAGGAAAA
CGAAGTTGCCGCAGGCGCCTAGCTGGCCATAATGAGCGACGGAGGAAGCCACCATCTGGATCGGTG
TTGTCCGCTCGCCATGGCCGATTCTCTCCCTCTTTGTTTGATAATAGCAGCAGAGCTGGAGGCCTT
CTTGTGGACTTTAGTGCATATCCAAGGCATACTGGGAGAGATGGATGGCCTGCAGCAAGGTCTTCT
GAGCTTACCCCCGGGAATGATACTGCTGCCACAGGAAGGTCTATATCTCATATGTGGCAGATAAGC
TCCCAGAATCCTCCATCCAACCTTTGCTTGCAAGGCTCAACTGGCGGGACTGGCCTTTTCAGTTCA
GGAATTCCTCCGGGAGAATGCTTCACAGGAGTTGCTGTTTCAGACTCGAGCTGTGCTCTCTCTCTT

FIGURA 5 (continuación)

CTGTCAAATCAACCATGGGGCTCCACAAACCGAGCATCAAGTCTTGCGGTGAATGACTTGTTTAGT
GCCGAAGAGGCACCCGTGGTTCAATCAACAGCTCACCATGGTGCGGCTGTCAATCAGTATCCAATC
CCTTGGAGCTTCAAGAGCAATGAAGGAAGTAACAGTTCACATGAGATGTGCCCTGATCTAGGTCTG
GGTCAAATTTCAATGCCTCTCAACAGTCAACTTGCTGGTCAGCTCGAGCAGTCTCAACAGAATAGG
AGGCAATACATGGACCTCGAGCATTCCAGGGCTTATGACTCTTCAACCCAGCACATCCACTGGTCA
CTTTAA

SEC ID Nº 287, Populus tremuloides secuencia polipeptídica traducida de SPL

MEMDSGSLTESATSNATSPPAESVNGLKFGKKIYFEDHVGVGAPAKSGTGSSSSGSGSGSSRKAQG
GQHQQPPRCQVEGCKVDLSDAKTYYSRHKVCSMHSKSPRVIVAGLVQRFCQQCSRFHLLPEFDQGK
RSCRRRLAGHNERRRKPPSGSVLSARHGRFSPSLFDNSSRAGGLLVDFSAYPRHTGRDGWPAARSS
ELTPGNDTAATGRSISHMWQISSQNPPSNLCLQGSTGGTGLFSSGIPPGECFTGVAVSDSSCALSL
LSNQPWGSTNRASSLAVNDLFSAEEAPVVQSTAHHGAAVNQYPIPWSFKSNEGSNSSHEMCPDLGL
GQISMPLNSQLAGQLEQSQQNRRQYMDLEHSRAYDSSTQHIHWSL

SEC ID Nº 288, Citrus clementina secuencia de ácido nucleico parcial de SPL
DY293795

ATGGAACTGGGTTCAGACTATTTGGCTGAATCAGGTGGTGGCTCCGGCTCCGGCTCAGGCTCCGGC
TTATCATCCGCTGAGCCATCACTTAATGGTTTGAAGTTTGGCAAAAAAATCTATTTTGAGGATGTC
GGTACTGCCGGAGCTCCATTTCCAGGATCTGGGTCATCATCTGGGTCCGGGTCAGGGTCAGGTTCA
GGGTCAGGGAGGAAGGTGAGGGGTGTTGGCGGTGGTATGGTTACTAGTGGGCAGCAGCCACCAAGG
TGCCAAGTGGAGGGGTGTAAAGTTGATCTGAGTGATGCCAAAGCTTACTATTCAAGGCACAAAGTT
TGTGGCATGCATTCAAAGTCTCCTGTTGTCACTGTTGCCGGCCTTGAGCAGAGGTTTTGCCAGCAA
TGTAGCAGATTTCATCAGCTTCCGGAGTTTGACCAAGGAAAACGAAGTTGCCGCAGGCGCCTGGCA
GGCCATAATGAGCGCCGGAGGAAGCCAACTTCTGGACCATTTTTGGGCACTCGTTATGGCAGGCTC
TCTTCCTCTGTCATTGAGAACAGCAGCCAAGGTGGAGGATTTCTGATCGACTTCAGTGCATATCAG
ATGGTTGGTGGGAGGGATGGATGGCCAGTGACAAGTGTCTCCAAGCAGGTATCTGGAAATCAAACC
ACTGTCACAGCAAGGCATCTTCCTCAGCCACTATGGCAAAACCACTCTCAGGATCCTCCACCTGAT
CGTTACCTTCAGTGTTCAACAGCTGGGACTGGTTTCTCTGGTCCTGGAATTCCTTGTGGAGGATGC
TTCACAGGAGTTGCTGACTCAAACTGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAATCAACCATGGGGCTCTAAG
AACCCGACACCGGGTCATGGAGTGGGTGACTTAATGCATGCCCATACCAAATCCGTCACTCAACCA
GTATCGCCCCATGGAGCAGCTATTAATCAATATCCAAACATGTCATGGGGGGTTCAAGGGCAATGC
AACCTGGTAGCAGTTCCACACCAAATGGCCCCCCAAATGGGGTTTGGGTTCAACATTCCGGCCCAT
TAA

SEC ID Nº 289, Citrus clementina secuencia polipeptídica parcial traducida de SPL

MELGSDYLAESGGGSGSGSGSGLSSAEPSLNGLKFGKKIYFEDVGTAGAPFPGSGSSSGSGSGSGS
GSGRKVRGVGGGMVTSGQQPPRCQVEGCKVDLSDAKAYYSRHKVCGMHSKSPVVTVAGLEQRFCQQ
CSRFHQLPEFDQGKRSCRRRLAGHNERRRKPTSGPFLGTRYGRLSSSVIENSSQGGGFLIDFSAYQ
MVGGRDGWPVTSVSKQVSGNQTTVTARHLPQPLWQNHSQDPPPDRYLQCSTAGTGFSGPGIPCGGC
FTGVADSNCALSLLSNQPWGSKNPTPGHGVGDLMHAHTKSVTQPVSPHGAAINQYPNMSWGVQGQC
NLVAVPHQMAPQMGFGFNIPAH

FIGURA 5 (continuación)

SEC ID Nº 290, Beta vulgaris SPL secuencia de ácido nucleico parcial

ATGGATACGGGTTCAAATTATCCGACCGTTAAGGGGTCATCATCAACCTCTTCATCATCTGGGTTG
TCGGATTCTTTAAATGGGCTGAAATTTGGGCAAAAAATATACTTTGAAGATGTGGGTGGTGTTGGA
ACTTCCGGCAAGTCTTCCGTCGCCGGAAGTGGTGGTGCTCCGGCGAAAAGGGCCGGAAAAGGGGTG
GTGCAAAGTGGGCAACCACCAAGGTGTCAAGTAGAAGGGTGTAAGATAGATCTTAGTGATGCTAAA
ACTTATTATTCTAGGCATAAAGTTTGTGGTATGCACTCTAAATCTTCTGTTGTTATTGTTGCTGGT
CTTGAGCAACGTTTTTGCCAGCAGTGCAGCAGATTTCATCGGCTTCCTGAGTTTGACCAAGGGAAA
CGAAGTTGTCGCAGACGCCTTGCTGGTCATAATGAGCGTCGAAGAAAACCACCACCTGGGTCTTTG
TTATCATCACGTTTGGGACGTCTCTCTTCATCCCTTTTTGGTGATAACACCGGCGGAAGTGGTGGA
TTCTTATTGGACTTCTCTTCGTATCCACGGCATTCTG

SEC ID Nº 291, Beta vulgaris secuencia polipeptídica traducida de SPL

MDTGSNYPTVKGSSSTSSSSGLSDSLNGLKFGQKIYFEDVGGVGTSGKSSVAGSGGAPAKRAGKGV
VQSGQPPRCQVEGCKIDLSDAKTYYSRHKVCGMHSKSSVVIVAGLEQRFCQQCSRFHRLPEFDQGK
RSCRRRLAGHNERRRKPPPGSLLSSRLGRLSSSLFGDNTGGSGGFLLDFSSYPRHS

SEC ID Nº 292, Hevea brasiliensis secuencia de ácido nucleico parcial de SPL

ATGGAAATGGGTTCGGGCTCTTTGACAGAGTCAGGTACCTCCAACGCCACTTCTCCACCTGCTGAG
TCAATAAATGGGTTGAAATTTGGCCAAAAAATCTATTTTGAGAATGCGGGGGCTAAGACTCCGGCC
AAATCTGCACCCGGGTCTTCATCTTCCGGGTCCGGGGCCCCGTCCAGGAAGGTTCACGGTGGGCAG
CAGCAGCAGCCACCCAGGTGTCAAGTTGAGGGATGTAAAGTGGATCTGAGTGATGCTAAGGCTTAT
TATTCGAGGCACAAAGTTTGTGGTATGCACTCTAAGTCTCCTAAGGTCATTGTTGCTGGTTTGGAG
CAAAGATTTTGCCAGCAGTGTAGTAGATTTCATCAGCTTCCTGAATTTGACCAAGGAAAACGAAGT
TGCCGCAGACGCCTAGCTGGTCATAATGAACGGCGGAGGAAGCCACCAACTGGATCAGTGCTGTCA
TCTCGCTATAACAGACTTTTTTCAACAATTTTTGATAACAGCAGCCGAGCTGGGGGCATTCTTGTG
GATTTCAG

SEC ID Nº 293, Hevea brasiliensis secuencia de ácido nucleico parcial de SPL

MEMGSGSLTESGTSNATSPPAESINGLKFGQKIYFENAGAKTPAKSAPGSSSSGSGAPSRKVHGGQ
QQQPPRCQVEGCKVDLSDAKAYYSRHKVCGMHSKSPKVIVAGLEQRFCQQCSRFHQLPEFDQGKRS
CRRRLAGHNERRRKPPTGSVLSSRYNRLFSTIFDNSSRAGGILVD

SEC ID Nº 294, Oryza sativa Variante del promotor de HMGB

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAAAGAGG
CGCATTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACAACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCCAAAAATA
TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT

FIGURA 5 (continuación)

TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCCTCGGCCTTCTCGCAGG
ATTCAGCC

SEC ID Nº **295**, **Oryza sativa** Promotor GOS2

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGT
CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT
ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
TGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGT
ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATT
TTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAGTAC
GGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC
CCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTT
AAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA
AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTT
TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG
CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA
AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT
CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
CTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGT
AGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG
GGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT
TTCACCAGCAAAGTTC

FIGURA 26 **(continuación)**