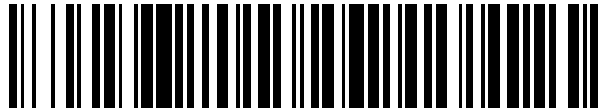


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 558 133**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/82** (2006.01)

**A01H 5/00** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **02.08.2007 E 09178866 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.11.2015 EP 2189534**

54 Título: **Plantas transformadas con el polipéptido SYT que tienen el rendimiento aumentado en estrés abiótico y procedimiento de producción de las mismas**

30 Prioridad:

12.10.2006 US 851258 P 01.12.2006 US 868095 P  
12.10.2006 US 851250 P 12.10.2006 US 851265 P  
17.11.2006 US 859717 P 10.08.2006 US 836804 P  
06.10.2006 EP 06121928 27.10.2006 EP 06123066  
31.10.2006 EP 06123237 05.10.2006 EP 06121856  
02.08.2006 EP 06118347 20.09.2006 EP 06120994

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:  
**02.02.2016**

73 Titular/es:

**CROPDESIGN N.V. (100.0%)  
Technologiepark 21C  
9052 Zwijnaarde, BE**

72 Inventor/es:

**SANZ MOLINERO, ANA ISABEL;  
REUZEAU, CHRISTOPHE;  
FRANKARD, VALERIE y  
MIRONOV, VLADIMIR**

74 Agente/Representante:

**CARPINTERO LÓPEZ, Mario**

ES 2 558 133 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 transformadas con el polipéptido SYT que tienen el rendimiento aumentado en estrés abiótico y procedimiento de producción de las mismas

5 El continuo aumento de la población mundial y la disminución de suministro de tierra cultivable disponible para la agricultura incentivan la investigación hacia el aumento de la eficiencia de la agricultura. Los medios convencionales para mejoras de cultivo y hortícolas utilizan técnicas de siembra selectiva para identificar plantas que tienen características deseables. Sin embargo, dichas técnicas de siembra selectiva tienen diversos inconvenientes, en concreto, que estas técnicas son típicamente laboriosas y producen plantas que a menudo contienen componentes genéticos heterogéneos que no siempre producen el rasgo deseable que se transmite desde las plantas progenitoras. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el plasma germinal de animales y plantas. La ingeniería genética de las plantas conlleva el aislamiento y la manipulación de 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.

15 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 diversos factores, por ejemplo, del número y tamaño de los órganos, de la arquitectura de la planta (por ejemplo, del número de ramas), de la producción de semillas, de la senescencia de las hojas y de más factores. El desarrollo de raíces, la absorción de nutrientes, la tolerancia al estrés, y el vigor temprano también pueden ser factores importantes en la determinación del rendimiento. Por lo tanto, optimizar los factores mencionados anteriormente puede contribuir a aumentar el rendimiento del cultivo.

25 El rendimiento de las semillas es un rasgo particularmente importante, ya que las semillas de muchas plantas son importantes para la nutrición humana y animal. Cultivos tales como maíz, arroz, trigo, canola y soja representan más de la mitad de la ingesta calórica humana total, bien a través del consumo directo de las propias semillas o a través del consumo de productos cárnicos generados sobre semillas procesadas. También son una fuente de azúcares, aceites y muchos tipos de metabolitos utilizados en los procesos industriales. Las semillas contienen un embrión (la fuente de nuevos brotes y raíces) y un endospermo (la fuente de nutrientes para el crecimiento del embrión durante la germinación y durante el crecimiento temprano de las plántulas). El desarrollo de una semilla implica muchos genes y requiere la transferencia de metabolitos desde las raíces, hojas y tallos al interior de la semilla en crecimiento. El endospermo, en particular, asimila los precursores metabólicos de los carbohidratos, aceites y proteínas y los sintetiza en macromoléculas de almacenamiento para llenar el grano.

35 Otro rasgo importante para muchos cultivos es el vigor temprano. Mejorar el vigor temprano es un objetivo importante de los programas de siembra de arroz modernos en variedades de cultivo de arroz tanto de clima templado como tropical. Las raíces largas son importantes para el anclaje adecuado al suelo en arroz sembrado en agua. Cuando el arroz se siembra directamente en campos inundados, y cuando las plantas deben emerger rápidamente a través del agua, los brotes más alargados se asocian con el vigor. Cuando se practica siembra con perforación, para la buena emergencia de las plántulas son importantes mesocótilos y coleóptilos más alargados. La capacidad de modificar genéticamente el vigor temprano en plantas sería de gran importancia en la agricultura. Por ejemplo, un vigor temprano pobre ha sido una limitación para la introducción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) a base de plasma germinal del Cinturón de Maíz en el Atlántico Europeo.

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

Por lo tanto el rendimiento del cultivo puede aumentarse optimizando uno de los factores mencionados anteriormente.

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

Los estreses abióticos tales como estrés por sequía, estrés por salinidad, estrés por calor y estrés por frío, o una combinación de uno o más de estos, son importantes factores limitantes del crecimiento y la productividad de la

planta (Boyer (1982) *Science* 218: 443-448). Estos estreses tienen como tema en común, importante para el crecimiento de la planta, la disponibilidad de agua. Dado que el alto contenido de sales en algunos suelos da como resultado menos agua disponible para la entrada en la célula, su efecto es semejante a aquellos observados en condiciones de sequía. Adicionalmente, en temperaturas de congelación, las células de la planta pierden agua como resultado de la formación de hielo que comienza a partir del apoplasto y extrae agua del simplasto (McKersie y Leshem (1994) *Stress and stress coping in cultivated plants*, Kluwer Academic Publishers). Durante el estrés por calor, está afectada la apertura de los estomas para regular la refrigeración mediante evapotranspiración, afectando por lo tanto el contenido de agua de la planta. Normalmente, los mecanismos de una respuesta molecular de la planta a cada una de estas condiciones de estrés son semejantes.

Durante todo su ciclo de vida las plantas están expuestas a condiciones de contenido reducido de agua ambiental. La mayoría de las plantas han desarrollado estrategias para protegerse contra estas condiciones. Sin embargo, si la severidad y duración de las condiciones de estrés son demasiado grandes, los efectos sobre el desarrollo, crecimiento y rendimiento de la planta, de la mayoría de las plantas de cultivo, son profundos. La exposición continua a la disponibilidad reducida de agua ambiental provoca alteraciones importantes en el metabolismo de la planta. Estos grandes cambios en el metabolismo finalmente conducen a la muerte celular y, de forma consecuyente, a pérdidas en el rendimiento. Las pérdidas de cultivos y las pérdidas de rendimiento de cultivo de cultivos importantes tales como arroz, maíz (cereal), y trigo, que provocan estos estreses, representan un factor económico y político significativo, y contribuyen a la escasez de alimentos en muchas partes del mundo.

Otro ejemplo de estrés ambiental abiótico, es la disponibilidad reducida de uno o más de los nutrientes que las plantas necesitan asimilar para el crecimiento y desarrollo. Se vierte una enorme cantidad de fertilizantes en los campos para optimizar el crecimiento de la planta y la calidad, debido a la fuerte influencia de la eficacia en la utilización de la nutrición en el rendimiento de la planta y la calidad del producto. La productividad de las plantas normalmente se limita por tres nutrientes principales: fósforo, potasio y nitrógeno, que son usualmente los elementos limitantes de la tasa en el crecimiento de la planta. El principal elemento nutricional necesario para el crecimiento de la planta es el nitrógeno (N). Es el constituyente de numerosos compuestos importantes encontrados en las células vivas, incluyendo aminoácidos, proteínas, (enzimas), ácidos nucleicos, y clorofila. Entre el 1,5 % y el 2 % de la materia seca vegetal es nitrógeno, y es aproximadamente el 16 % de la proteína total de la planta. Por lo tanto, la disponibilidad de nitrógeno es un factor limitante principal del crecimiento y la producción de plantas de cultivo (Frink y col. (1999) *Proc Natl Acad Sci USA* 96(4): 1175-1180), y tiene un impacto principal en la acumulación de proteína y en la composición de aminoácidos. Por lo tanto, son de gran interés las plantas de cultivo con un rendimiento aumentado cuando crecen en condiciones limitantes de nitrógeno.

La biomasa de plantas es la producción para cultivos de forraje como alfalfa, maíz de ensilaje y heno. Se han utilizado muchas estrategias para el rendimiento en cultivos de grano. Entre estas, destacan las estimaciones del tamaño de la planta. El tamaño de la planta puede medirse de muchos modos dependiendo de la especie y de la etapa del desarrollo, pero incluye el peso seco total de la planta, el peso seco de la parte aérea, el peso fresco de la parte aérea, el área foliar, el volumen del tallo, la altura de la planta, el diámetro de roseta, la longitud foliar, la longitud de la planta, la masa radicular, el número de brotes y el número de hojas. Muchas especies mantienen una proporción conservativa entre el tamaño de diferentes partes de la planta en una etapa dada del desarrollo. Estas relaciones alométricas se usan para extrapolar desde una de estas mediciones de tamaño a otra (por ejemplo, Tiltonell y col. (2005) *Agric Ecosys & Environ* 105: 213). De forma típica, el tamaño de la planta en una etapa temprana del desarrollo correlacionará con el tamaño de la planta más tarde durante el desarrollo. De forma típica, una planta más grande con un área foliar mayor puede absorber más luz y dióxido de carbono que una planta más pequeña y, por lo tanto, probablemente ganará un peso mayor durante el mismo período (Fasoula & Tollenaar (2005) *Maydica* 50:39). Esto se suma a la continuación potencial de la ventaja microambiental o genética que la planta tenía inicialmente para conseguir el mayor tamaño. Hay un fuerte componente genético para el tamaño de la planta y la tasa de crecimiento (por ejemplo, ter Steege y col. (2005) *Plant Physiology* 139:1078), y así, para una serie de genotipos diversos, el tamaño de la planta en una condición ambiental correlaciona probablemente con el tamaño en otra (Hittalmani y col. (2003) *Theoretical Applied Genetics* 107:679). De este modo, se usa un entorno estándar como una aproximación para los entornos diversos y dinámicos que encuentran los cultivos en diferentes emplazamientos y tiempos en el campo.

El desarrollo de plantas tolerantes al estrés es una estrategia que tiene el potencial de solucionar o mediar al menos algunos aspectos de la pérdida de rendimiento (McKersie y Leshem (1994) *Stress and stress coping in cultivated plants*, Kluwer Academic Publishers). Sin embargo, las estrategias tradicionales de reproducción para desarrollar líneas nuevas de plantas que muestren resistencia (tolerancia) a estos tipos de estreses son relativamente lentas y necesitan líneas resistentes específicas para el cruzamiento con la línea deseada. Las limitadas fuentes de germoplasma para la tolerancia al estrés y la incompatibilidad en los cruzamientos entre especies vegetales relacionadas de forma distante, representan problemas significantes encontrados en la reproducción convencional. Adicionalmente, tales técnicas de reproducción son típicamente laboriosas y producen plantas que a menudo contienen componentes genéticos heterogéneos que no siempre producen el rasgo deseable que se transmite desde las plantas progenitoras. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el plasma germinal de animales y plantas. La ingeniería genética de las plantas conlleva el aislamiento y la manipulación de 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.

SYT es un coactivador transcripcional que, en plantas, forma un complejo funcional con activadores de la transcripción de la familia de proteínas GRF (acrónimo del inglés *growth-regulating factor*: factor de regulación del crecimiento) (Kim HJ, Kende H (2004) Proc Nat Acad Sc 101: 13374-9). En este artículo, SYT es llamado GIF (acrónimo del inglés *GRF-interacting factor*: factor de interacción con GRF), y AN3 por *angustifolia3* en Horiguchi y col. (2005) Plant J 43: 68-78. Los activadores de la transcripción GRF comparten dominios estructurales (en la región N-terminal) con las proteínas SWI/SNF de los complejos remodeladores de la cromatina en levadura (van der Knaap E y col., (2000) Plant Phys 122: 695-704). Se ha propuesto que los coactivadores transcripcionales de estos complejos están implicados en la incorporación de complejos SWI/SNF en regiones potenciadoras y promotoras para efectuar remodelado local de la cromatina (revisión Naar AM y col., (2001) Annu Rev Biochem 70: 475-501). La alteración en la estructura local de la cromatina modula la activación transcripcional. De forma más precisa, se propone que SYT interactúa con el complejo SWI/SNF de planta para afectar la activación transcripcional del gen (o genes) diana GRF (Kim HJ, Kende H (2004) Proc Nat Acad Sc 101: 13374-9).

SYT pertenece a una familia de genes de tres miembros en *Arabidopsis*. El polipéptido SYT comparte homología con SYT de ser humano. Se ha demostrado que el polipéptido SYT de ser humano es un coactivador transcripcional (Thaete y col. (1999) Hum Molec Genet 8: 585-591). Tres dominios caracterizan al polipéptido SYT de mamífero:

- (i) el dominio N-terminal HNS (homología N-terminal de SYT), conservado en mamíferos, plantas, nematodos y peces;
- (ii) el dominio C-terminal rico en QPGY, compuesto de forma predominante por glicina, prolina, glutamina y tirosina, que se produce a intervalos variables.
- (iii) un dominio rico en metionina (rico en Met) localizado entre los dos dominios previos.

El dominio HNS está bien conservado en los polipéptidos SYT de planta. El dominio C-terminal es rico en glicina y glutamina, pero no en prolina y tirosina. Por lo tanto, ha sido llamado el dominio rico en QG en contraste con el dominio QPGY de mamíferos. Al igual que con SYT de mamífero, se puede identificar un dominio rico en Met en el extremo N del dominio QG. El dominio rico en QG puede tomarse de forma sustancial como el resto C-terminal del polipéptido (sin el dominio SHN); el dominio rico en Met está comprendido de forma típica dentro de la primera mitad del rico en QG (del extremo N al extremo C). En los polipéptidos SYT de planta, un segundo dominio rico en Met puede preceder al dominio HNS (véase Fig. 1).

Se informó que un mutante de pérdida de función de SYT y plantas transgénicas con expresión reducida de SYT, desarrollan hojas y pétalos pequeños y estrechos, lo cuales tienen menos células (Kim HJ, Kende H (2004) Proc Nat Acad Sc 101: 13374-9).

La sobreexpresión de AN3 en *Arabidopsis thaliana* dio como resultado plantas con hojas que eran el 20-30 % más grandes que aquellas del tipo silvestre (Horiguchi y col. (2005) Plant J 43: 68-78).

En la solicitud de patente Japonesa 2004-350553, se describe un procedimiento para controlar el tamaño de hojas en la dirección horizontal, mediante el control de la expresión del gen AN3.

El documento WO2006/079655 desvela el uso de polipéptidos SYT para aumentar ciertos rasgos relacionados con rendimiento en plantas.

De forma sorprendente, ahora se ha descubierto que la modulación de la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT, proporciona plantas que tienen el rendimiento aumentado en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes, con respecto a las plantas de control.

La invención se refiere, por lo tanto, a un procedimiento para aumentar el rendimiento de la planta en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes, con respecto a las plantas de control, en el que dicho rendimiento de la planta es uno cualquiera o más de rendimiento total de semilla, número de semillas llenas, tasa de llenado de semillas, PMG e índice de cosecha, siendo dicho índice de cosecha la proporción del rendimiento de semilla dividido entre la biomasa total, en el que dicho procedimiento comprende la modulación de la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido de translocación del sarcoma sinovial (SYT), y de forma opcional, seleccionar plantas que tengan el rendimiento aumentado, en las que dicha expresión modulada se efectúa mediante la introducción y expresión en una planta, parte de planta o célula de planta, de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT, en las que dicho polipéptido SYT comprende del N-terminal al C-terminal: (i) un dominio HNS que tiene al menos el 65 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58; y (ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG.

## **Definiciones**

### Polipéptido(s)/proteína(s)

Los términos "polipéptido" y "proteína" se usan indistintamente en el presente documento y se refieren a aminoácidos en una forma polimérica de cualquier longitud, unidos entre sí por enlaces peptídicos.

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

5 En el presente documento, los términos “polinucleótido(s)”, “secuencia(s) de ácidos nucleicos”, “secuencia(s) de nucleótidos”, “ácido(s) nucleico(s)” y “molécula de ácido nucleico” se usan indistintamente y se refieren a nucleótidos, ya sean ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos o una combinación de ambos, en una forma polimérica no ramificada de cualquier longitud.

Planta(s) de control

10 La elección de plantas de control adecuadas es una parte rutinaria de un montaje experimental y puede incluir plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin el gen de interés. La planta de control es típicamente de la misma especie de planta o incluso de la misma variedad de planta 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. Los nulicigotos son individuos que perdieron el transgén por segregación. Una “planta de control” como se usa en el presente documento no solo se refiere a plantas completas, sino también a partes de planta, incluyendo semillas y partes de semilla.

Homólogo(s)

15 Los “homólogos” de una proteína incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos con respecto a la proteína no modificada en cuestión y que tienen actividad funcional y biológica similar como la proteína no modificada de la cual proceden.

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

20 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 de N y/o C terminal, así como inserciones intra-secuencia de un solo aminoácido o múltiples aminoácidos. Generalmente, las inserciones en la secuencia de aminoácidos serán más pequeñas que las fusiones de N o C terminal, del orden de aproximadamente 1 a 10 restos. Los ejemplos de proteínas de fusión de N o C terminal o péptidos incluyen el dominio de unión o dominio de activación de un activador transcripcional como se usa en el sistema de doble híbrido de levadura, proteínas de cubierta de fago, etiqueta de (histidina)-6, etiqueta de glutatión S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, epítipo Tag•100, epítipo c-myc, epítipo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítipo HA, epítipo de proteína C, epítipo VSV.

30 Una sustitución se refiere a un reemplazo de aminoácidos de la proteína con otros aminoácidos que tienen propiedades semejantes (tales como hidrofobicidad, hidrofiliidad, antigenicidad, propensidad para formar o romper estructuras  $\alpha$ -helicoidales o  $\beta$  laminares semejantes). Las sustituciones de aminoácidos son típicamente de restos únicos, pero pueden agruparse dependiendo de las limitaciones funcionales puestas al polipéptido y variar desde 1 a 10 aminoácidos; las inserciones normalmente serán del orden de aproximadamente 1 a 10 restos de aminoácido. Las sustituciones de aminoácidos son preferentemente sustituciones de aminoácidos conservativas. En la técnica se conocen bien las tablas de sustitución conservativa (véase, por ejemplo, Creighton (1984) Proteins. W. H. Freeman and Company (Eds) y la Tabla 1 a continuación).

**Tabla 1:** Ejemplos de sustituciones de aminoácidos conservativas

Resto	Sustituciones conservativas	Resto	Sustituciones conservativas
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 realizarse fácilmente usando técnicas sintéticas de péptidos bien conocidas en la técnica, tales como síntesis peptídica de fase sólida y similares, o por manipulación de ADN recombinante. En la técnica se conocen bien procedimientos de manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o deleción de una proteína. Por ejemplo, los expertos en la técnica conocen técnicas para realizar mutaciones de sustitución en sitios predeterminados en el ADN 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

Los “derivados” incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que pueden, en comparación con la secuencia de aminoácidos de 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 (glucosilado, acilado, prenilado, fosforilado, miristoilado, sulfatado, etc.) o modificados de origen no natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de forma natural del polipéptido. Un derivado también puede comprender uno o más sustituyentes o adiciones que no son de aminoácido en comparación con la secuencia de aminoácidos de la que procede, 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. Además, los “derivados” también incluyen fusiones de la forma de origen natural de la proteína con péptidos etiquetadores, tales como FLAG, HIS6 o tiorredoxina (para una revisión de péptidos etiquetadores, véase Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

#### Ortólogo(s)/Parólogo(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; los ortólogos son genes de diferentes organismos que se han originado a través de la especiación, y también proceden de un gen antecesor común.

#### 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 muy 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 alineadas de una familia de homólogos de proteína, éstas pueden usarse como identificadores para determinar si cualquier polipéptido en cuestión pertenece a una familia polipeptídica previamente identificada.

#### Motivo/Secuencia consenso/Firma

Las expresiones “motivo” o “secuencia consenso” o “firma” se refieren a una región conservada corta 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 localizarse fuera del dominio conservado (si todos los aminoácidos del motivo se encuentran fuera de un dominio definido).

#### Hibridación

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

El término “rigurosidad” se refiere a las condiciones en las que se realiza la hibridación. La rigurosidad de la hibridación está influenciada por condiciones tales como temperatura, concentración salina, fuerza iónica y composición del tampón de hibridación. Generalmente, se seleccionan condiciones de baja rigurosidad por ser aproximadamente 30 °C menores que el punto de fusión térmico ( $T_f$ ) para la secuencia específica a una fuerza

iónica definida y pH. Las condiciones de rigurosidad media son cuando la temperatura es 20 °C por debajo de la  $T_f$ , y las condiciones de rigurosidad alta son cuando la temperatura es 10 °C por debajo de la  $T_f$ . Las condiciones de hibridación de rigurosidad alta se usan típicamente para aislar secuencias de hibridación que tiene alta similitud de secuencia con la secuencia de ácidos nucleicos diana. Sin embargo, los ácidos nucleicos pueden desviarse en cuanto a la secuencia y aún codificar un polipéptido sustancialmente idéntico, debido a la generación del código genético. Por lo tanto, en ocasiones, pueden necesitarse condiciones de hibridación de rigurosidad media para identificar tales moléculas de ácidos nucleicos.

La  $T_f$  es la temperatura bajo fuerza iónica definida y pH, en la que el 50 % de la secuencia diana se hibrida con una sonda perfectamente emparejada. La  $T_f$  depende de las condiciones de solución y de la composición base y longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias más largas hibridan específicamente a temperaturas más altas. La tasa máxima de hibridación se obtiene de aproximadamente 16 °C hasta 32 °C por debajo de la  $T_f$ . La presencia de cationes monovalentes en la solución de hibridación reduce la repulsión electrostática entre las dos cadenas de ácido nucleico por lo cual se promueve la formación del híbrido; este efecto es visible para concentraciones de sodio de hasta 0,4 M (para mayores concentraciones, este efecto puede ignorarse). La formamida reduce la temperatura de fusión de dúplex de ADN-ADN y ADN-ARN con 0,6 a 0,7 °C para cada porcentaje de formamida, y la adición de formamida al 50 % permite que se realice la hibridación de 30 a 40 °C, aunque la tasa de hibridación disminuirá. Los emparejamientos erróneos de los pares de bases reducen la tasa de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. Por término medio y para sondas grandes, la  $T_f$  disminuye aproximadamente 1 °C por % de emparejamiento erróneo de bases. La  $T_f$  puede calcularse usando las siguientes ecuaciones, dependiendo de los tipos de híbridos:

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

$$T_f = 81,5 \text{ °C} + 16,6 \times \log_{10}[(\text{Na}^+)^a + 0,41 \times \%[\text{G/C}^b] - 500 \times [\text{L}^c]^{-1} - 0,61 \times \% \text{ formamida}]$$

2) híbridos de ADN-ARN o ARN-ARN:

$$T_f = 79,8 + 18,5 (\log_{10}[(\text{Na}^+)^a] + 0,58 (\% \text{G/C}^b) + 11,8 (\% \text{G/C}^b)^2 - 820/\text{L}^c)$$

3) híbridos de oligo-ADN u oligo-ARN<sup>d</sup>:

Para <20 nucleótidos:  $T_f = 2 (I_n)$

Para 20-35 nucleótidos:  $T_f = 22 + 1,46 (I_n)$

<sup>a</sup> o para otro catión monovalente, pero solo exacto en el intervalo de 0,01-0,4 M.

<sup>b</sup> solo exacto para % GC en el intervalo de 30 % a 75 %.

<sup>c</sup> L = longitud del dúplex en los pares de bases.

<sup>d</sup> oligo, oligonucleótido;  $I_n$  = longitud eficaz del cebador =  $2 \times (\text{n.º de G/C}) + (\text{n.º de A/T})$ .

La unión no específica puede controlarse usando una cualquiera de las numerosas técnicas conocidas, tales como, por ejemplo, bloqueo de la membrana con soluciones que contienen la proteína, adiciones del ARN heterólogo, ADN y SDS al tampón de hibridación y tratamiento con ARNasa. 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 °C a 42 °C) o (ii) disminuir progresivamente la concentración de formamida (por ejemplo del 50 % al 0 %). El experto en la técnica es consciente de que durante la hibridación pueden alterarse diversos parámetros y que se mantendrán o cambiarán las condiciones de rigurosidad.

Además de las condiciones de hibridación, la especificidad de hibridación también depende típicamente de la función de los lavados post-hibridación. Para retirar el fondo resultante de la hibridación no específica, 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: a menor concentración salina y mayor temperatura de lavado, mayor rigurosidad de lavado. Las condiciones de lavado se realizan típicamente a, o por debajo de, la rigurosidad de hibridación. Una hibridación positiva da lugar a una señal que es al menos dos veces la del fondo. Generalmente, las condiciones de rigurosidad adecuadas para los ensayos de hibridación de ácidos nucleicos o los procedimientos de detección de amplificación de genes son como se expusieron anteriormente. También pueden seleccionarse condiciones más o menos rigurosas. El experto en la técnica es consciente de que, durante el lavado, pueden alterarse diversos parámetros y que mantendrán o cambiarán las condiciones de rigurosidad.

Por ejemplo, las condiciones de hibridación típicas de alta rigurosidad para híbridos de ADN mayores de 50 nucleótidos incluyen una hibridación a 65 °C en 1x SSC o a 42 °C en 1x SSC y formamida al 50 %, seguido de lavado a 65 °C en 0,3x SSC. Los ejemplos de condiciones de hibridación de rigurosidad media para híbridos de ADN más largos de 50 nucleótidos incluyen una hibridación a 50 °C en 4x SSC o a 40 °C en 6x SSC y formamida al 50 %, seguido de lavado a 50 °C en 2x 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. 1x SSC es NaCl 0,15 M y citrato sódico 15 mM, la solución de hibridación y las soluciones de lavado pueden incluir adicionalmente reactivo de Denhardt 5x, SDS al 0,5-1,0 %, 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado, desnaturalizado 100 µg/ml, pirofosfato sódico al 0,5 %.

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

Variante de corte y empalme

- 5 La expresión “variante de corte y empalme” como se usa en el presente documento incluye variantes de una secuencia de ácidos nucleicos 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 aquellas en las que la actividad biológica de la proteína esté sustancialmente conservada; 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 sintetizadas por el hombre. En la técnica se conocen bien procedimientos para predecir y aislar dichas variantes de corte y empalme (véase, por ejemplo, Foissac y Schiex (2005) *BMC Bioinformatics* 6: 25).

Variante alélica

- 15 Los alelos o variantes alélicas son formas alternativas de un gen determinado, localizado en la misma posición cromosómica. Las variantes alélicas incluyen Polimorfismos Mononucleotídicos (SNP, por las siglas *Single Nucleotide Polymorphisms*), así como Polimorfismos Pequeños de Inserción/Delección (INDELs, por las siglas *Small Insertion/Deletion Polymorphisms*). El tamaño de los INDELs es normalmente menor de 100 pb. Los SNP y los INDELs forman la serie de variantes de secuencia más grande en las cepas polimórficas de origen natural de la mayoría de los organismos.

20 Combinación de genes/Evolución dirigida

La combinación de genes o evolución dirigida consiste en repeticiones de combinación de ADN seguido de exploración 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 5.811.238 y 6.395.547).

25 Elemento regulador/Secuencia de control/Promotor

- Las expresiones “elemento regulador”, “secuencia de control” y “promotor” se usan todas indistintamente en el presente documento y se toman en un contexto amplio para referirse a una secuencia de ácidos nucleicos reguladora capaz de efectuar la expresión de las secuencias a las que se unen. El término “promotor” se refiere típicamente a una secuencia de control de ácido nucleico localizada cadena arriba del inicio transcripcional de un gen y que está implicado en el reconocimiento y unión de la ARN polimerasa y otras proteínas, dirigiendo así la transcripción de un ácido nucleico unido operativamente. En los términos anteriormente mencionados se incluyen las secuencias reguladoras transcripcionales precedentes de un gen genómico eucariota clásico (incluyendo la caja TATA que es necesaria para el inicio de la transcripción adecuado, con o sin secuencia de caja CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir, secuencias activadoras cadena arriba, potenciadores y silenciadores) que alteran la expresión génica en respuesta al desarrollo y/o estímulo externo, o de una manera específica de tejido. También se incluye en el término una secuencia reguladora transcripcional de un gen procariota clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladores 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 ácido nucleico en una célula, tejido u órgano.

- 40 Un “promotor de planta” comprende elementos reguladores, que median la expresión de un segmento de secuencia codificante en células de plantas. Por consiguiente, un promotor de planta no tiene que ser de origen vegetal, sino que puede originarse de virus o microorganismos, por ejemplo de virus que atacan a las células de planta. El “promotor de planta” también puede originarse de una célula de planta, por ejemplo, de la planta que se transforma con la secuencia de ácidos nucleicos a expresar en el proceso de la invención y descrito en el presente documento.
- 45 Esto también se aplica a las otras señales reguladoras de “planta”, tales como terminadores de “planta”. Los promotores cadena arriba de la secuencias de nucleótidos útiles en los procedimientos de la presente invención pueden modificarse mediante una o más sustituciones, inserciones y/o delecciones de nucleótido sin interferir con la funcionalidad o actividad de cualquiera de los promotores, la fase de lectura abierta (ORF, *Open Reading Frame*) o la región reguladora 3' tal como terminadores u otras regiones reguladoras 3' que se localizan fuera de la ORF.
- 50 Además es posible que la actividad de los promotores aumente por la modificación de su secuencia o que se reemplacen completamente mediante 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 tiempo y con el patrón de expresión espacial requerido.

- 55 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 la beta-galactosidasa. La actividad del



5 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 la de un promotor de referencia (tal como el que se usa en los procedimientos de la presente invención). Como alternativa, la fuerza del promotor puede evaluarse cuantificando niveles de ARNm o comparando niveles de ARNm del ácido nucleico usado en los procedimientos de la presente invención, con niveles de ARNm de genes constitutivos tal como ARNr 18S, usando procedimientos conocidos en la técnica, tales como transferencia de Northern con análisis densitométrico de autorradiogramas, PCR cuantitativa en tiempo real o RT-PCR (Heid y col., 1996 Genome Methods 6: 986-994).  
 10 Generalmente por "promotor débil" se entiende un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificante a un nivel bajo. Por "nivel bajo" se entiende niveles de aproximadamente 1/10.000 transcritos a aproximadamente 1/100.000 transcritos, a aproximadamente 1/5000000 transcritos por célula. Por el contrario, un "promotor fuerte" dirige la expresión de una secuencia codificante a alto nivel, o a aproximadamente 1/10 transcritos a aproximadamente 1/100 transcritos a aproximadamente 1/1000 transcritos por célula.

Unido operativamente

15 La expresión "unido operativamente" 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 puede iniciar la transcripción del gen de interés.

Promotor constitutivo

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

Tabla 2a: Ejemplos de promotores constitutivos

Fuente del gen	Referencia
Actina	McElroy y col, Plant Cell, 2: 163-171, 1990
HMGP	WO 2004/070039
CAMV 35S	Odell y col, Nature, 313: 810-812, 1985
CaMV 19S	Nilsson y col., Physiol. Plant. 100:456-462, 1997
GOS2	de Pater y col., Plant J Nov; 2(6):837-44, 1992, WO 2004/065596
Ubiquitina	Christensen y col, Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992
Ciclofilina de arroz	Buchholz y col, Plant Mol Biol. 25(5): 837-43, 1994
Histona H3 de maíz	Lepetit y col, Mol. Gen. Genet. 231:276-285, 1992
Histona H3 de alfalfa	Wu y col. Plant Mol. Biol. 11:641-649, 1988
Actina n 2	An y col, Plant J. 10(1); 107-121, 1996
34S FMV	Sanger y col., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443
Subunidad pequeña Rubisco	US 4,962,028
OCS	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain 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	WO 01/14572
Súper promotor	WO 95/14098
Proteínas de la caja G	WO 94/12015

Promotor ubicuo

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

Promotor regulado evolutivamente

Un promotor regulado evolutivamente es activo durante determinadas etapas del desarrollo o en partes de la planta que experimentan cambios evolutivos.

Promotor inducible

30 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 se expone a diversas condiciones de estrés, o un “patógeno inducible,” es decir, activado cuando una planta está expuesta a la exposición a diversos patógenos.

Promotor específico de órgano/específico de tejido

- 5 Un promotor específico de órgano o específico de tejido es uno que es capaz de iniciar preferentemente la transcripción en determinados órganos o tejidos, tales como hojas, raíces tejido de semillas, etc. Por ejemplo, un “promotor específico de raíz” es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en las raíces las de 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 capaces de iniciar la transcripción solo en determinadas células se les denomina promotores “específicos de célula”.
- 10 Un promotor específico de semilla es transcripcionalmente activo predominantemente en tejidos de semilla, pero no necesariamente exclusivamente en tejidos de semilla (en casos de expresión parcial). El promotor específico de semilla puede ser activo durante el desarrollo y/o durante la germinación de la semilla. El promotor específico de semilla puede ser específico de endospermo/aleurona/embrión Se muestran ejemplos de promotores específicos de semilla en las Tablas 2b a 2e a continuación. Ejemplos adicionales de promotores específicos de semilla se proporcionan en Qing Qu y Takaiwa (Plant Biotechnol. J. 2, 113-125, 2004).
- 15

**Tabla 2b:** Ejemplos de promotores específicos de semilla

Fuente del gen	Referencia
genes específicos de semilla	Simon y col., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985;
	Scofield y col., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987;
	Baszczynski y col., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990.
albúmina de Nuez del Brasil	Pearson y col., Plant Mol. Biol. 18: 235-245, 1992.
legumina	Ellis y col., Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988.
Glutelina (arroz)	Takaiwa y col., Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986;
	Takaiwa y col., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987.
zeína	Matzke y col Plant Mol Biol, 14(3):323-32 1990
napA	Stalberg y col, Planta 199: 515-519, 1996.
gluteína-1 de BPM y APM de trigo	Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17:461-2, 1989
SPA de trigo	Albani y col, Plant Cell, 9: 171-184, 1997
$\alpha$ , $\beta$ y $\gamma$ gliadinas de trigo	EMBO J. 3:1409-15, 1984
promotor ltr1 de cebada	Diaz y col. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
hordeína B1, C, D de cebada	Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4:343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750-60, 1996
DOF de cebada	Mena y col, The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998
blz2	EP99106056.7
promotor sintético	Vicente-Carbajosa y col., Plant J. 13: 629-640, 1998.
prolamina NRP33 de arroz	Wu y col, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
$\alpha$ -globulina G1b-1 de arroz	Wu y col, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
OSH1 de arroz	Sato y col, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
$\alpha$ -globulina REB/OHP-1 de arroz	Nakase y col. Plant Mol. Biol. 33: 513-522, 1997

(continuación)

Fuente del gen	Referencia
ADP-glucosa pirofosforilasa de arroz	Trans Res 6:157-68, 1997
familia del gen ESR de maíz	Plant J 12:235-46, 1997
$\alpha$ -kafirina de sorgo	DeRose y col., Plant Mol. Biol 32:1029-35, 1996
KNOX	Postma-Haarsma y col, Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999
Oleosina de arroz	Wu y col, J. Biochem. 123:386, 1998
Oleosina de girasol	Cummins y col., Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992
PRO0117, supuesta proteína ribosomal 40S de arroz	WO 2004/070039
PRO0136, alanina aminotransferasa de arroz	no publicado
PRO0147, inhibidor de tripsina ITR1 (cebada)	no publicado
PRO0151, WSI18 de arroz	WO 2004/070039
PRO0175, RAB21 de arroz	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039
$\alpha$ -amilasa (Amy32b)	Lanahan y col, Plant Cell 4: 203-211, 1992; Skriver y col, Proc Natl Acad Sci USA 88:7266-7270, 1991
gen similar a la $\beta$ catepsina	Cejudo y col, Plant Mol Biol 20: 849-856, 1992
Ltp2 de cebada	Kalla y col., Plant J. 6: 849-60, 1994
Chi26	Leah y col., Plant J. 4: 579-89, 1994
B-Perú de maíz	Selinger y col., Genetics 149; 1125-38, 1998

**Tabla 2c:** ejemplos de promotores específicos de endospermo

Fuente del gen	Referencia
glutelina (arroz)	Takaiwa y col. (1986) Mol Gen Genet 208:15-22; Takaiwa y col. (1987) FEBS Letts. 221:43-47
zeína	Matzke y col., (1990) Plant Mol Biol 14(3): 323-32
gluteína-1 de BPM y APM de trigo	Colot y col. (1989) Mol Gen Genet 216:81-90, Anderson y col. (1989) NAR 17:461-2
SPA de trigo	Albani y col. (1997) Plant Cell 9:171-184
gliadinas de trigo	Rafalski y col. (1984) EMBO 3:1409-15
promotor Itr1 de cebada	Diaz y col. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
hordeína B1, C, D de cebada	Cho y col. (1999) Theor Appl Genet 98:1253-62; Muller y col. (1993) Plant J 4:343-55; Sorenson y col. (1996) Mol Gen Genet 250:750-60
DOF de cebada	Mena y col, (1998) Plant J 116(1): 53-62
blz2	Onate y col. (1999) J Biol Chem 274(14):9175-82
promotor sintético	Vicente-Carbajosa y col. (1998) Plant J 13:629-640

(continuación)

Fuente del gen	Referencia
prolamina NRP33 de arroz	Wu y col, (1998) Plant Cell Physiol 39(8) 885-889
globulina Glb-1 de arroz	Wu y col. (1998) Plant Cell Physiol 39(8) 885-889
globulina REB/OHP-1 de arroz	Nakase y col. (1997) Plant Molec Biol 33: 513-522
ADP-glucosa pirofosforilasa de arroz	Russell y col. (1997) Trans Res 6:157-68
familia del gen ESR de maíz	Opsahl-Ferstad y col. (1997) Plant J 12: 235-46
Kafirina de sorgo	DeRose y col. (1996) Plant Mol Biol 32: 1029-35

**Tabla 2d:** Ejemplos de promotores específicos de embrión:

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

5

**Tabla 2e:** Ejemplos de promotores específicos de aleurona:

Fuente del gen	Referencia
$\alpha$ -amilasa (Amy32b)	Lanahan y col, Plant Cell 4:203-211, 1992; Skriver y col, Proc Natl Acad Sci USA 88:7266-7270, 1991
gen similar a $\beta$ cathepsina	Cejudo y col, Plant Mol Biol 20:849-856, 1992
Ltp2 de cebada	Kalla y col., Plant J. 6:849-60, 1994
Chi26	Leah y col., Plant J. 4:579-89, 1994
B-Perú de maíz	Selinger y col., Genetics 149:1125-38, 1998

10 Un promotor específico de tejido verde como se define en el presente documento es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido verde, 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.

Otro ejemplo de un promotor específico de tejido es un promotor específico de meristemo, que es transcripcionalmente activo de forma predominante 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.

### 15 Terminador

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

20

Modulación

5 El término “modulación” significa en relación a la expresión o expresión de un gen, un proceso en el que en el nivel de expresión se cambia mediante dicho gen de expresión en comparación con la planta de control, el nivel de expresión puede aumentarse o disminuirse. La expresión original, no modulada, 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 o proteínas codificadas, que conduce a un rendimiento aumentado y/o a un crecimiento aumentado de las plantas.

Expresión

10 El término “expresión” o “expresión génica” significa la transcripción de un gen específico o genes específicos o construcción genética específica. El término “expresión” o “expresión génica” significa en particular la transcripción de un gen o genes o construcción genética en ARN estructural (ARNr, ARNt) o ARNm con o sin traducción posterior del último en una proteína. El proceso incluye la transcripción de ADN y el procesamiento del producto de ARNm resultante.

Expresión aumentada/sobreexpresión

15 La frase “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.

20 En la técnica se documentan bien procedimientos para aumentar la expresión de genes o productos génicos e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión conducida por promotores apropiados, el uso de potenciadores de la transcripción o potenciadores de la traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como promotores o elementos potenciadores pueden introducirse en una posición apropiada (típicamente cadena arriba) de una forma no heteróloga de un polinucleótido para regular positivamente la expresión de un ácido nucleico que codifica el polipéptido de interés. Por ejemplo, pueden alterarse promotores endógenos *in vivo* por mutación, delección y/o sustitución (véase, Kmiec, US 5.565.350; Zarling y col., WO9322443) o pueden introducirse promotores aislados en una célula de planta en la orientación y distancia apropiada de un gen como se desvela en el presente documento para controlar la expresión del gen.

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

30 También puede añadirse una secuencia intrónica a la región no traducida (UTR, *untranslated region*) 5' o la secuencia codificante de la secuencia codificante 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 1000 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

35 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. El gen aislado puede aislarse de un organismo o puede fabricarlo el hombre, por ejemplo, mediante síntesis química.

Expresión disminuida

40 En el presente documento la referencia a “expresión disminuida” o “reducción o eliminación sustancial” de expresión 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 de 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 de control.

55 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 (gene diana), o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parólogo 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 preferente para la reducción o eliminación sustancial de la expresión del 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, parólogo y homólogo de una 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 preferente, 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, parólogo 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 de control. Una secuencia de ácidos nucleicos de ADN no codificante (un espaciador, por ejemplo un fragmento de la región de unión de matriz (MAR, *Matrix Attachment Region Fragment*), un intrón, un poliengarce, 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 auto-complementaria (parcial o completa). Esta estructura de ARN bicatenario se denomina ARN en horquilla (ARNh) El ARNh 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, por lo cual se reduce sustancialmente el número de transcritos de ARNm que van a traducirse en los polipéptidos. Para detalles adicionales generales véase, por ejemplo, Grierson y col. (1998) WO 98/53083; Waterhouse y col. (1999) 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 uno cualquiera o más de los varios 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 por la planta de 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 transcritos 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, parólogo 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 homóloga a un transcritos de ARNm de la misma. Por lo tanto, en una planta se introduciría al menos una copia de la secuencia de ácidos nucleicos. La secuencia de ácidos nucleicos 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 introducen varias copias adicionales de una secuencia de ácidos nucleicos, cuando hay una correlación positiva entre altos niveles de transcritos y la activación de cosupresión.

Otro ejemplo de un procedimiento de silenciamiento de ARN implica el uso de secuencias de ácidos nucleicos antisentido. Una secuencia de ácidos nucleicos "antisentido" comprende una secuencia de nucleótidos que es complementaria a una secuencia de ácidos nucleicos "en sentido" que codifica una proteína, es decir complementaria a la cadena que codifica una molécula de ADN bicatenario o complementario a una secuencia de transcritos de ARNm. La secuencia de ácidos nucleicos antisentido es preferentemente complementaria a un gen endógeno a silenciar. La complementariedad puede localizarse en la "región codificante" y/o en la "región no codificante" de un gen. La expresión "región codificante" 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 codificante que se transcriben pero no se traducen en aminoácidos

(también denominadas regiones no traducidas 5' y 3').

Las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden diseñarse de acuerdo con las normas de emparejamiento de bases de Watson y Crick. La secuencia de ácidos nucleicos antisentido puede ser complementaria a la secuencia de ácidos nucleicos 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, parólogo u homólogo de la proteína de interés), pero también puede ser un oligonucleótido que sea antisentido para solo una parte de la secuencia de ácidos nucleicos (incluyendo la 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 ácidos nucleicos antisentido puede construirse usando síntesis química y reacciones de ligamiento enzimático usando procedimientos conocidos en la técnica. Por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos 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 nucleótido 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 ácidos nucleicos antisentido puede producirse biológicamente usando un vector de expresión en el que se ha subclonado una secuencia de ácidos nucleicos 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 ácidos nucleicos 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 (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, al inhibir la transcripción y/o traducción. La hibridación puede ser por complementariedad de nucleótidos convencional para formar un dúplex estable o, por ejemplo, en el caso de una secuencia de ácidos nucleicos 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 ácidos nucleicos antisentido pueden introducirse en una planta por transformación o inyección directa en un sitio de tejido específico. Como alternativa, las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden modificarse para dirigir 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 ácidos nucleicos 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 ácidos nucleicos antisentido es una secuencia de ácidos nucleicos  $\alpha$ -anomérica. Una secuencia de ácidos nucleicos  $\alpha$ -anomérica forma híbridos bicatenarios específicos con ARN de complementariedad en el que, contrario a las unidades  $\beta$  normales, las cadenas corren paralelas entre sí (Gaultier y col. (1987) Nucl Ac Res 15: 6625-6641). La secuencia de ácidos nucleicos antisentido también pueden comprender un 2'-*o*-metilribonucleótido (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 ácidos nucleicos monocatenaria, tal como ARNm, con el que tienen una región complementaria. Por tanto, las ribozimas (por ejemplo, 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, reduciendo por tanto 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 ácidos nucleicos (véase, por ejemplo: Cech y col. Patentes 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 ácidos nucleicos 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) documento WO 97/13865 y Scott y col. (1997) documento WO 97/38116).

El silenciamiento génico también puede producirse por 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).

5 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, el polipéptido puede unirse a diversas proteínas que interactúan; por lo tanto pueden proporcionarse una o más mutaciones y/o truncamientos para un polipéptido que sea aún capaz de unir las proteínas que interactúan (tal como proteínas receptoras) pero que no pueden mostrar su función normal (tal como ligando de señalización).

10 Una estrategia adicional para silenciamiento génico es dirigir la secuencia de ácidos nucleicos complementaria 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 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.

15 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 implicado 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 implicado el polipéptido diana.

20 Como alternativa, puede establecerse un programa de exploración 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 homóloga.

25 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) de planta 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, *RNA-induced silencing complex*) uniéndose a su componente principal, una proteína Argonauta. Los miARN sirven como componentes de especificidad del RISC, debido al emparejamiento con bases de ácidos nucleicos diana, principalmente ARNm, en el citoplasma. Los acontecimientos reguladores posteriores incluyen la escisión de ARNm diana y la destrucción y/o inhibición traduccional. Por tanto, los efectos de la sobreexpresión de miARN a menudo se reflejan en niveles de ARNm disminuidos de los genes diana.

35 Los microARN artificiales (amiARN), 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 de planta. Se han definido los parámetros empíricos para el reconocimiento diana y pueden usarse para ayudar a diseñar los amiARN específicos, (Schwab y col., Dev. Cell 8, 517-527, 2005). Herramientas convenientes para el diseño y generación de los amiARN y sus precursores también están disponibles para el público (Schwab y col., Plant Cell 18, 1121-1133, 2006).

40 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 ácidos nucleicos de cualquier especie de planta determinada se introduce dentro de esta misma especie. Por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos de arroz se transforma en una planta de arroz. Sin embargo, no es un requisito absoluto que la secuencia de ácidos nucleicos que se introduce se origine de la misma especie de planta como 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.

45 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 materia podría 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

55 Un "marcador de selección", "gen marcador de selección" o "gen indicador" incluye cualquier gen que confiere un fenotipo a una célula en la que se expresa para facilitar la identificación y/o selección de células que se transfectan o transforman con una construcción de ácido nucleico. 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 pueden seleccionarse 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), espectinomomicina o blasticidina), a herbicidas (por ejemplo bar que proporciona resistencia a Basta®; araA 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 da como resultado la formación de color (por ejemplo  $\beta$ -glucuronidasa, GUS o  $\beta$ -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 de plantas, solo una minoría de las células capta el ADN exógeno 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, por selección (por ejemplo, células que tienen integrado el marcador de selección sobreviven mientras que las otras mueren).

Dado que los genes marcadores, particularmente 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 proceso 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 lo que se conoce como cotransformación. El procedimiento de cotransformación emplea dos vectores simultáneamente para la transformación, un vector que lleva el ácido nucleico como se desvela en el presente documento y un segundo que lleva el gen (o genes) marcador. Una proporción grande de transformantes recibe o, en el caso de 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 retirarse 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 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 (aprox. 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 desarrollan 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 retira las secuencias localizadas entre las secuencias *loxP*. Si el gen marcador se integra entre las secuencias *loxP*, éste se elimina una vez se haya producido la transformación satisfactoriamente, por 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). Es posible una integración específica de sitio en el genoma de la planta de la secuencia de ácidos nucleicos. 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 ácidos nucleicos, un casete de expresión, una construcción génica o un vector que comprende la secuencia de ácidos nucleicos o un organismo transformado con las secuencias de ácidos nucleicos, casetes o vectores de expresión como se desvela en el presente documento, todas estas construcciones realizadas por procedimientos recombinantes en los que

- (a) las secuencias de ácidos nucleicos que codifican las proteínas útiles en los procedimientos de la invención o
- (b) la secuencia (o secuencias) de control genético que se une operativamente con la secuencia de ácidos nucleicos como se desvela en el presente documento, por ejemplo un promotor, o
- (c) a) y b)

no se localizan en su ambiente genético natural o se han modificado por procedimientos recombinantes, siendo posible que se produzca la modificación de, por ejemplo, una sustitución, adición, delección, 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 ácidos nucleicos se conserva preferentemente, al menos en parte. El ambiente 5  
flanquea la secuencia de ácidos nucleicos 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 1000 pb, más preferentemente al menos 5000 pb. Un casete de expresión de origen natural - por ejemplo la combinación de origen natural del promotor natural de las secuencias de ácidos nucleicos con la secuencia de ácidos nucleicos correspondiente que codifica un polipéptido útil en los procedimientos de la presente invención, como se ha definido anteriormente - llega a ser un 10  
casete de expresión transgénica cuando esta 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 lo tanto, una planta transgénica, para los fines del procedimiento de la presente invención, se entiende que significa, como se ha indicado anteriormente, que los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de la invención 15  
no están en su locus natural en el genoma de dicha planta, siendo posible que los ácidos nucleicos se expresen de manera homóloga o heteróloga. Sin embargo, como se ha mencionado, transgénico también significa que, aunque los ácidos nucleicos 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 20  
secuencias naturales se han modificado. Por transgénico se entiende preferentemente que significa la expresión de los ácidos nucleicos en un locus no natural en el genoma, es decir, se produce la expresión homólogo 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 denomina en el presente documento, incluye la transferencia 25  
de un polinucleótido exógeno en una célula huésped, independientemente del procedimiento usado para la transferencia. El tejido de planta capaz de propagación clonal posterior, mediante organogénesis o embriogénesis, puede transformarse con una construcción genética como se desvela y, a partir del mismo, regenerarse una planta completa. El tejido particular seleccionado variará dependiendo de los sistemas de propagación clonales disponibles 30  
para, y mejor adaptados a, la especie particular que se va a transformar. Las dianas tisulares ejemplares incluyen discos foliares, polen, embriones, cotiledones, hipocotiledones, megagametofitos, tejido de callo, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristemo apical, brotes axilares y meristemos radiculares) e inducen tejido meristemático (por ejemplo, meristemo de cotiledón y meristemo de hipocotiledón). El polinucleótido puede introducirse de manera estable o transitoria en una célula huésped y puede mantenerse no integrado, por ejemplo, 35  
como un plásmido. Como alternativa, éste puede integrarse en el genoma huésped. La célula de la planta transformada resultante puede después usarse 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 plantas es actualmente una técnica muy habitual. Ventajosamente, cualquiera de los 40  
diversos procedimientos de transformación puede usarse 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 usando 45  
virus o polen y microproyección. Pueden seleccionarse procedimientos entre, el procedimiento de calcio/polietilenglicol para protoplastos (Krens, F. A. y col., (1982) Nature 296, 72-74; Negrtiu 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 revestido 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 50  
mediante transformación mediada por *Agrobacterium*. 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 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 55  
tratada (Clough y Bent, Plant J. (1998) 16, 735-743). Los procedimientos para la transformación de arroz mediada por *Agrobacterium* incluyen procedimientos bien conocidos para la transformación de arroz, tales como los descritos en cualquiera de las siguientes referencias bibliográficas: 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). 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 en Frame y col. (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002). 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 agrobacterias 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; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S. D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, págs. 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 aquellas 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 y 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. World Scientific, Singapore, pág. 274-289]. Los procedimientos alternativos son a base de 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 y 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 estos 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 proceso 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 plástoma. 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 co-integrado transitorio (Klaus y col., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229).

#### El etiquetado en activación de ADN T

El etiquetado en activación de ADN T (Hayashi y col. Science (1992) 1350-1353), implica la inserción de ADN T, que normalmente contiene un promotor (también puede ser un potenciador de traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 kb cadena arriba o cadena abajo de la región codificante de un gen en una configuración de tal manera 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 nuevamente introducido. El promotor se incorpora típicamente en un ADN T. Este ADN T se inserta al azar el genoma de la planta, por ejemplo, a través de infección por *Agrobacterium* y conduce a expresión modificada de genes cerca al ADN T insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debidos a la expresión modificada de los genes cerca al promotor introducido.

#### TILLING

El término "TILLING" es la abreviatura de "Targeted Induced Local Lesions In Genomes" (Inducción Dirigida de Lesiones Locales en el Genoma) y se refiere a una tecnología de mutagénesis útil para generar y/o identificar ácidos nucleicos que codifican proteínas con expresión y/o actividad modificada. 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 mostrada por el gen en su forma natural. El TILLING combina mutagénesis de alta densidad con procedimientos de detección de alto rendimiento. Las etapas seguidas típicamente en el TILLING son: (a) mutagénesis EMS (Redei GP y Koncz C (1992) In Methods in Arabidopsis Research, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, páginas 16-82; Feldmann y col., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, páginas 137-172; Lightner J y Caspar T (1998) In J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, Methods on

- Molecular Biology, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, páginas 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 extra en el cromatograma; (f) identificación del mutante individual; y (g) secuenciación del producto PCR mutante.
- 5 Los procedimientos de TILLING son bien conocidos en la técnica (McCallum y col., (2000) Nat Biotechnol 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) Nat Rev Genet 5(2): 145-50).

#### Recombinación homóloga

- 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

- 15 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 de su número, tamaño y/o peso, o el rendimiento real es el rendimiento por metro cuadrado de un cultivo y año, que se determina dividiendo la producción total (incluyendo la producción tanto cosechada como valorada) por metro cuadrado plantado. El término “rendimiento” de una planta puede estar relacionado con biomasa vegetativa (biomasa de raíz y/o brote), con órganos reproductores y/o con propágulos (tal como semillas) de esta planta.

#### Vigor temprano

- “Vigor temprano” se refiere a un crecimiento bien equilibrado saludable activo especialmente durante las etapas tempranas del crecimiento de la planta, y puede ser el resultado del aumento de la eficacia biológica 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 temprano también muestran supervivencia aumentada de 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 temprano puede determinarse midiendo diversos factores, tales como, peso de mil granos, porcentaje de germinación, porcentaje de emergencia, crecimiento de plántula, altura de plántula, longitud de raíz, biomasa de brote y raíz y muchos más.

#### Aumento/Mejora/Potenciación

- 35 Los términos “aumento”, “mejora” o “potenciación” son intercambiables y significan en el sentido de la solicitud al menos 3 %, 4 %, 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9 % o 10 %, preferentemente al menos 15 % o 20 %, más preferentemente 25 %, 30 %, 35 % o 40 % más rendimiento y/o crecimiento en comparación con plantas de control como se define en el presente documento.

#### Rendimiento de semilla

- 40 El rendimiento de semilla aumentado puede manifestarse por sí mismo como uno o más de los siguientes: a) un aumento en biomasa de semilla (peso total de semilla) que puede establecerse sobre una semilla individual y/o por planta y/o por metro cuadrado; b) número de flores por planta aumentado; c) número de semillas (llenas) aumentado; d) tasa de llenado de semilla aumentado (que se expresa como la proporción entre el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas); e) índice de cosecha 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. El rendimiento de semilla aumentado puede ser también el resultado de arquitectura modificada, o puede ocurrir debido a la arquitectura modificada.

#### Índice de verdor

- 55 El “índice de verdor” como se usa en el presente documento se calcula a partir de imágenes digitales de plantas. Para cada píxel que pertenece al objeto de la planta sobre la imagen, se calcula la proporción del valor verde frente

al valor rojo (en el modelo RGB por el que se codifica el color). El índice de verdor se expresa como el porcentaje de píxeles por el que la proporción con verde con respecto a rojo supera un umbral determinado. En condiciones de crecimiento normales, en condiciones de crecimiento de estrés salino y en condiciones de crecimiento de disponibilidad de nutrientes reducido, el índice de verdor de las plantas se mide en la última imagen antes de la floración. Por otro lado, en condiciones de crecimiento de estrés por sequía, el índice de verdor de las plantas se mide en la primera imagen después de la sequía.

### Planta

El término "planta" como se usa en el presente documento incluye plantas completas, antecesores y progenie de las plantas y partes de las plantas, incluyendo semillas, brotes, tallos, hojas, raíces (incluyendo tubérculos), flores y tejidos y órganos, donde cada uno de los elementos anteriormente mencionados comprende el gen/ácido nucleico de interés. El término "planta" también incluye células de planta, 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 excelsa*, *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* (por ejemplo, *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Eragrostis tef*, *Erianthus sp.*, *Eriobotrya japonica*, *Eucalyptus sp.*, *Eugenia uniflora*, *Fagopyrum spp.*, *Fagus spp.*, *Festuca arundinacea*, *Ficus carica*, *Fortunella spp.*, *Fragaria spp.*, *Ginkgo biloba*, *Glycine spp.* (por ejemplo, *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* o *Solanum lycopersicum*), *Sorghum bicolor*, *Spinacia spp.*, *Syzygium spp.*, *Tagetes spp.*, *Tamarindus indica*, *Theobroma cacao*, *Trifolium spp.*, *Triticale sp.*, *Triticosecale rimpai*, *Triticum spp.* (por ejemplo, *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum* o *Triticum vulgare*), *Tropaeolum minus*, *Tropaeolum majus*, *Vaccinium spp.*, *Vicia spp.*, *Vigna spp.*, *Viola odorata*, *Vitis spp.*, *Zea mays*, *Zizania palustris*, *Ziziphus spp.*, entre otras.

### Descripción detallada de la invención

#### **Descripción detallada para el polipéptido SYT**

Sorprendentemente, ahora se ha descubierto que la modulación de la expresión de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT aumenta el rendimiento de la planta y/o el vigor temprano en estrés abiótico con respecto a las plantas de control.

Por lo tanto, la invención se refiere a un procedimiento para aumentar del rendimiento de la planta en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes con respecto a las plantas de control, en el que dicho rendimiento de la planta es uno cualquiera o más de rendimiento total de semilla, número de semillas llenas, tasa de llenado de semillas, PMG e índice de cosecha, siendo dicho índice de cosecha la proporción del rendimiento de semilla dividido entre la biomasa total, en el que dicho procedimiento comprende la modulación de la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido de translocación del sarcoma sinovial (SYT), y de forma opcional seleccionar plantas que tengan rendimiento aumentado, en las que dicha expresión modulada se efectúa mediante la introducción y expresión en una planta, parte de planta o célula de planta, de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT y en las que dicho polipéptido SYT comprende, de N-terminal a C-terminal:

- (i) un dominio HNS que tiene al menos el 65 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58; y  
(ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG.

La referencia en el presente documento a "plantas de control", se entiende que se refiere a cualquier planta o plantas de control adecuadas.

- 5 Las expresiones "referencia", "de control", o "de tipo salvaje" se usan en el presente documento indistintamente y es de forma preferente un objeto, por ejemplo un orgánulo, una célula, un tejido, una planta, que sea tan semejante como sea posible al objeto de la invención. La referencia, control o tipo silvestre es en su genoma, transcriptoma, proteoma o metaboloma tan similar como sea posible al objeto de la presente invención. Preferentemente, la expresión orgánulo, célula, tejido o planta "de referencia", "de control" o "de tipo silvestre", se refiere a una orgánulo,  
10 célula, tejido o planta, que es casi idéntico genéticamente al orgánulo, célula, tejido o planta, o a una parte de los mismos, que tenga en orden creciente de preferencia el 95 %, 98 %, 99,00 %, 99,10 %, 99,30 %, 99,50 %, 99,70 %, 99,90 %, 99,99 %, 99,999 %, o más, de identidad genética con el orgánulo, célula, tejido o planta de la divulgación. Muy preferible la "referencia", "de control", o "de tipo silvestre" es preferentemente un objeto, por ejemplo un orgánulo, una célula, un tejido, una planta, que es idéntico genéticamente a una planta, tejido, célula, orgánulo  
15 utilizado de acuerdo al procedimiento de la invención, excepto que las secuencias de ácido nucleico o el producto del gen en cuestión se cambie, module o modifique de acuerdo con el procedimiento de la invención.

- Preferentemente, cualquier comparación entre las plantas de control y las plantas producidas mediante el procedimiento de la invención, se realiza en condiciones análogas. La expresión "condiciones análogas" significa que todas las condiciones tales como condiciones de cultivo o crecimiento, condiciones de ensayo (tal como composición del tampón, temperatura, sustratos, cepa de patógeno, concentraciones y similares) se mantienen idénticas entre los experimentos a comparar.  
20

- En lo sucesivo, cualquier referencia en el presente documento a "proteína útil en los procedimientos de la invención" se considera que significa un polipéptido SYT como se define en el presente documento. En lo sucesivo, cualquier referencia en el presente documento a un "ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención" se considera que significa un ácido nucleico capaz de codificar tal polipéptido SYT. El ácido nucleico que se introducirá en una planta (y por lo tanto útil en la realización de los procedimientos de la invención) es cualquier ácido nucleico que codifique el tipo de proteína que será descrita ahora, en lo sucesivo también llamado "ácido nucleico de SYT" o "gen de SYT".  
25

- El término "secuencia" se refiere a polinucleótidos, ácidos nucleicos, moléculas de ácido nucleico, péptidos, polipéptidos y proteínas, dependiendo del contexto en el que se use el término "secuencia". Una "secuencia codificante" es una secuencia de ácido nucleico, que es transcrita en ARNm y/o traducida a un polipéptido cuando se coloca bajo el control de secuencias regulatorias apropiadas. Los límites de la secuencia codificante se determinan mediante un codón de iniciación de la producción en el extremo 5' y un codón de finalización de la traducción en el extremo 3'. Una secuencia codificante puede incluir, pero sin limitación, ARNm, ADNc, secuencias de ácido nucleico recombinantes o ADN genómico, mientras que los intrones pueden estar presentes también en determinadas circunstancias. La expresión "expresión" o "expresión génica" es como se define anteriormente. El término "modulación" se define anteriormente, y significa un aumento en la expresión en relación con la expresión o expresión del gen.  
30  
35

- La expresión "polipéptido SYT", como se define en el presente documento, se refiere a un polipéptido que comprende del N-terminal al C-terminal: (i) un dominio HNS que tiene en orden creciente de preferencia al menos el 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS del SEC ID N°: 58; y (ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG. Preferentemente, el dominio HNS comprende los restos mostrados en negro en la Figura 2. De forma adicional, preferentemente, el dominio HNS es como se representa en SEC ID N°: 57.  
40  
45

Adicionalmente, el polipéptido SYT puede comprender uno o más de los siguientes: (a) SEC ID N°: 146; (b) SEC ID N°: 147; y (c) un dominio rico en Met en el N-terminal precediendo al dominio HNS.

- Una secuencia de ácido nucleico de SYT codifica un polipéptido SYT. Por lo tanto, la expresión "secuencia de ácido nucleico de SYT", como se define en el presente documento, es cualquier secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT como se define anteriormente en el presente documento.  
50

- Los términos "dominio" y "motivo" se definen en la sección de "Definiciones" del presente documento. Existen bases de datos especializadas para la identificación de dominios, 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), InterPro (Mulder y col., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315-318), Prosite (Bucher y Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular SECuencias motifs and its function in automatic SECuence interpretation. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., páginas 53-61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo y col., Nucl. Acids. Res. 32:D134-D137, (2004)), o Pfam (Bateman y col., Nucleic Acids Research 30(1): 276-280 (2002)). En el servidor de proteomics ExpASY (Swiss  
55

Institute of Bioinformatics (Gasteiger y col., ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, Nucleic Acids Res. 31: 3784-3788(2003)) se encuentra disponible un conjunto de herramientas para realizar análisis informatizados de secuencias de proteínas. Los dominios o los motivos también pueden identificarse usando técnicas rutinarias, tales como mediante alineamiento de secuencias.

- 5 Los polipéptidos SYT pueden identificarse fácilmente utilizando técnicas de rutina bien conocidas en la técnica, tales como por alineamiento de secuencia. Los procedimientos para el alineamiento de las secuencias para comparación son bien conocidos en la técnica, dichos procedimientos 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 dos secuencias completas que maximizan el número de emparejamientos y minimiza el número de espacios. El algoritmo BLAST (acrónimo de *Basic Local Alignment Search Tool*; Altschul y col. (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula la de identidad de secuencia porcentual (%) y realiza un análisis estadístico de la similitud entre las dos secuencias (valor E). La identidad porcentual se refiere al número de nucleótidos idénticos (o aminoácidos) entre las dos secuencias de ácido nucleico (o de polipéptido) en una longitud particular. Cuanto mayor sea la similitud entre dos secuencias, menor es el valor E (o, dicho de otro modo, menor es la posibilidad de que la coincidencia se encuentre por coincidencia). El cálculo del valor E se conoce bien en la técnica. El programa informático para realizar el análisis BLAST está disponible de forma pública a través del National Centre for Biotechnology Information. Los polipéptidos SYT que comprenden un dominio HNS, que tengan en orden creciente de preferencia al menos el 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58, pueden identificarse de este modo. Alternativamente, los polipéptidos SYT útiles en los procedimientos de la presente invención tienen, en orden creciente de preferencia, al menos el 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de identidad de secuencia con el polipéptido de SEC ID N°: 60. Para optimizar el alineamiento entre motivos conservados se puede realizar modificación manual menor, como sería evidente para un experto en la materia. En algunos casos, los parámetros predeterminados se pueden ajustar para modificar la rigurosidad de la búsqueda. Por ejemplo, utilizando BLAST, el umbral de significación estadística (llamado valor "esperado") para informar emparejamientos contra las secuencias de la base de datos, puede aumentarse para mostrar menos emparejamientos rigurosos. De este modo, se pueden identificar emparejamientos cortos casi exactos. De este modo, se puede identificar la presencia de SEC ID N°: 146 y de SEC ID N°: 147, ambas comprendidas en los polipéptidos SYT útiles en los procedimientos de la invención.
- 30 Además, puede identificarse fácilmente la presencia de un dominio rico en Met o de un dominio rico en QG. Como se muestra en la Figura 3, el dominio rico en Met y el dominio rico en QG están a continuación del dominio HNS. El dominio rico en QG puede tomarse de forma sustancial como el resto del C-terminal del polipéptido (menos el dominio SHN); el dominio rico en Met está comprendido de forma típica dentro de la primera mitad del rico en QG (del N-terminal al C-terminal). La composición de aminoácidos principal (en %) para determinar si un dominio de polipéptido es rico en aminoácidos específicos, se puede calcular utilizando programas informáticos del servidor ExPASy (Gasteiger E y col. (2003) ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. Nucleic Acids Res 31:3784-3788), en particular la herramienta ProtParam. Después se puede comparar la composición del polipéptido de interés con la composición de aminoácidos promedio (en %) en el banco de datos Swiss-Prot Protein Sequence (Tabla 3). Dentro de este banco de datos, el contenido promedio de Met (M) es del 2,37 %, el contenido promedio de Gln (Q) es del 3,93 % y el contenido promedio de Gly (G) es del 6,93 % (Tabla 3). Como se define en el presente documento, un dominio rico en Met o un dominio rico en QG tiene el contenido de Met (en %) o un contenido de Gln y Gly (en %) por encima de la composición de aminoácidos promedio (en %) en el banco de datos Swiss-Prot Protein Sequence. Por ejemplo, en SEC ID N°: 60 el dominio rico en Met en el N-terminal que precede al dominio HNS (de las posiciones de aminoácido 1 a 24), tiene un contenido de Met del 20,8 % y un dominio rico en QG (de las posiciones de aminoácido 71 a 200) tiene un contenido de Gln (Q) del 18,6 % y un contenido de Gly (G) del 21,4 %. Preferentemente, el dominio Met, como se define en el presente documento, tiene un contenido de Met (en %) que es de al menos el 1,25, 1,5, 1,75, 2,0, 2,25, 2,5, 2,75, 3,0, 3,25, 3,5, 3,75, 4,0, 4,25, 4,5, 4,75, 5,0, 5,25, 5,0, 5,75, 6,0, 6,25, 6,5, 6,75, 7,0, 7,25, 7,5, 7,75, 8,0, 8,25, 8,5, 8,75, 9,0, 9,25, 9,5, 9,75, 10 o más como composición de aminoácidos promedio (en %) de dicho tipo de secuencias de proteínas, que están incluidas en el banco de datos Swiss-Prot Protein Sequence. Preferentemente, el dominio rico en QG como se define en el presente documento tiene un contenido de Gln (Q) y/o un contenido de Gly (G) que es al menos del 1,25, 1,5, 1,75, 2,0, 2,25, 2,5, 2,75, 3,0, 3,25, 3,5, 3,75, 4,0, 4,25, 4,5, 4,75, 5,0, 5,25, 5,0, 5,75, 6,0, 6,25, 6,5, 6,75, 7,0, 7,25, 7,5, 7,75, 8,0, 8,25, 8,5, 8,75, 9,0, 9,25, 9,5, 9,75, 10 o más, tanto como la composición de aminoácido promedio (en %) de dicho tipo de secuencias de proteína, que están incluidas en el banco de datos Swiss-Prot Protein Sequence.

Tabla 3: Composición de aminoácidos media (%) de proteínas en el banco de datos SWISS PROT Protein Sequence (Julio de 2004):

Resto	%	Resto	%
A= Ala	7,80	M = Met	2,37
C = Cys	1,57	N = Asn	4,22
D = Asp	5,30	P = Pro	4,85
E = Glu	6,59	Q = Gln	3,93

(continuación)

Resto	%	Resto	%
F = Phe	4,02	R = Arg	5,29
G = Gly	6,93	S = Ser	6,89
H = His	2,27	T = Thr	5,46
I = Ile	5,91	V = Val	6,69
K = Lys	5,93	W = Trp	1,16
L = Leu	9,62	Y = Tyr	3,09

- 5 Los ejemplos de polipéptidos SYT incluyen (codificados por la secuencia de polinucleótido de número de acceso en paréntesis; véase también la Tabla 4, y mencionados en el protocolo de secuencia): *Arabidopsis thaliana* Arath\_SYT1 (AY102639.1) SEC ID N°: 60, *Arabidopsis thaliana* Arath\_SYT2 (AY102640.1) SEC ID N°: 62, *Arabidopsis thaliana* Arath\_SYT3 (AY102641.1) SEC ID N°: 64, *Aspergillus officinalis* Aspod\_SYT (CV287542) SEC ID N°: 66, *Brassica napus* Brana\_SYT (CD823592) SEC ID N°: 68, *Citrus sinensis* Citsi\_SYT (CB290588) SEC ID N°: 70, *Gossypium arboreum* Gosar\_SYT (BM359324) SEC ID N°: 72, *Medicago trunculata* Medtr\_SYT (CA858507.1) SEC ID N°: 74, *Oryza sativa* Orysa\_SYT1 (AK058575) SEC ID N°: 76, *Oryza sativa* Orysa\_SYT2 (AK105366) SEC ID N°: 78, *Oryza sativa* Orysa\_SYT3 (BP185008) SEC ID N°: 80, *Solanum tuberosum* Soltu\_SYT (BG590990) SEC ID N°: 82, *Zea mays* Zeama\_SYT1 (BG874129.1, CA409022.1) SEC ID N°: 84, *Zea mays* Zeama\_SYT2 (AY106697) SEC ID N°: 86, *Homo sapiens* Homsa\_SYT (CAG46900) SEC ID N°: 88, *Allium cepa* Alice\_SYT2 (CF437485) SEC ID N°: 90, *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens* Aqufo\_SYT1 (DT758802) SEC ID N°: 92, *Brachypodium distachyon* Bradi\_SYT3 (DV480064) SEC ID N°: 94, *Brassica napus* Brana\_SYT2 (CN732814) SEC ID N°: 96, *Citrus sinensis* Citsi\_SYT2 (CV717501) SEC ID N°: 98, *Euphorbia esula* Eupes\_SYT2 (DV144834) SEC ID N°: 100, *Glycine max* Glyma\_SYT2 (BQ612648) SEC ID N°: 102, *Glycine soya* Glyso\_SYT2 (CA799921) SEC ID N°: 104, *Gossypium hirsutum* Goshi\_SYT1 (DT558852) SEC ID N°: 106, *Gossypium hirsutum* Goshi\_SYT2 (DT563805) SEC ID N°: 108, *Hordeum vulgare* Horvu\_SYT2 (CA032350) SEC ID N°: 110, *Lactuca serriola* Lacse\_SYT2 (DW110765) SEC ID N°: 112, *Lycopersicon esculentum* Lyces\_SYT1 (AW934450, BP893155) SEC ID N°: 114, *Malus domestica* Maldo\_SYT2 (CV084230, DR997566) SEC ID N°: 116, *Medicago trunculata* Medtr\_SYT2 (CA858743, BI310799, AL382135) SEC ID N°: 118, *Panicum virgatum* Panvi\_SYT3 (DN152517) SEC ID N°: 120, *Picea sitchensis* Pisci\_SYT1 (DR484100, DR478464) SEC ID N°: 122, *Pinus taeda* Pinta\_SYT1 (DT625916) SEC ID N°: 124, *Populus tremula* Poptr\_SYT1 (DT476906) SEC ID N°: 126, *Saccharum officinarum* Sacof\_SYT1 (CA078249, CA078630, CA082679, CA234526, CA239244, CA083312) SEC ID N°: 128, *Saccharum officinarum*. Sacof\_SYT2 (CA110367) SEC ID N°: 130, *Saccharum officinarum* Sacof\_SYT3 (CA161933, CA265085) SEC ID N°: 132, *Solanum tuberosum* Soltu\_SYT1 (CK265597) SEC ID N°: 134, *Sorghum bicolor* Sorbi\_SYT3 (CX611128) SEC ID N°: 136, *Triticum aestivum* Triae\_SYT2 (CD901951) SEC ID N°: 138, *Triticum aestivum* Triae\_SYT3 (BJ246754, BJ252709) SEC ID N°: 140, *Vitis vinifera* Vitvi\_SYT1 (DV219834) SEC ID N°: 142, *Zea mays* Zeama\_SYT3 (CO468901) SEC ID N°: 144, *Brassica napus* Brana\_SYT SEC ID N°: 151, *Glycine max* Glyma\_SYT SEC ID N°: 153.

**Tabla 4:** Ejemplos de secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos SYT

Nombre	Número de acceso de nucleótidos NCBI	SEC ID N° de la secuencia de ácido nucleico	SEC ID N° del polipéptido traducido	Fuente
Arath_SYT1	AY102639.1	59	60	<i>Arabidopsis thaliana</i>
Arath_SYT2	AY102640.1	61	62	<i>Arabidopsis thaliana</i>
Arath_SYT3	AY102641.1	63	64	<i>Arabidopsis thaliana</i>
Aspod_SYT1	CV287542	65	66	<i>Aspergillus officinalis</i>
Brana_SYT1	CD823592	67	68	<i>Brassica napus</i>
Citsi_SYT1	CB290588	69	70	<i>Citrus sinensis</i>
Gosar_SYT1	BM359324	71	72	<i>Gossypium arboreum</i>
Medtr_SYT1	CA858507.1	73	74	<i>Medicago trunculata</i>
Orysa_SYT1	AK058575	75	76	<i>Oryza sativa</i>
Orysa_SYT2	AK105366	77	78	<i>Oryza sativa</i>
Orysa_SYT3	BP185008	79	80	<i>Oryza sativa</i>
Soltu_SYT2	BG590990	81	82	<i>Solanum tuberosum</i>



(continuación)

Nombre	Número de acceso de nucleótidos NCBI	SEC ID N° de la secuencia de ácido nucleico	SEC ID N° del polipéptido traducido	Fuente
Zeama_SYT1	BG874129.1 CA409022.1*	83	84	<i>Zea mays</i>
Zeama_SYT2	AY106697	85	86	<i>Zea mays</i>
Homsa_SYT	CR542103	87	88	<i>Homo sapiens</i>
Alice_SYT2	CF437485	89	90	<i>Allium cepa</i>
Aqufo_SYT1	DT758802.1	91	92	<i>Aquilegia formosa</i> x <i>Aquilegia pubescens</i>
Bradi_SYT3	DV480064.1	93	94	<i>Brachypodium distachyon</i>
Brana_SYT2	CN732814	95	96	<i>Brassica napa</i>
Citsi_SYT2	CV717501	97	98	<i>Citrus sinensis</i>
Eupes_SYT2	DV144834	99	100	<i>Euphorbia esula</i>
Glyma_SYT2	BQ612648	101	102	<i>Glycine max</i>
Glyso_SYT2	CA799921	103	104	<i>Glycine soya</i>
Goshi_SYT1	DT558852	105	106	<i>Gossypium hirsutum</i>
Goshi_SYT2	DT563805	107	108	<i>Gossypium hirsutum</i>
Horvu_SYT2	CA032350	109	110	<i>Hordeum vulgare</i>
Lacse_SYT2	DW110765	111	112	<i>Lactuca serriola</i>
Lycles_SYT1	AW934450.1 BP893155.1*	113	114	<i>Lycopersicon esculentum</i>
Maldo_SYT2	CV084230 DR997566*	115	116	<i>Malus domestica</i>
Medtr_SYT2	CA858743 B1310799.1 AL382135.1*	117	118	<i>Medicago trunculata</i>
Panvi_SYT3	DN152517	119	120	<i>Panicum virgatum</i>
Picsi_SYT1	DR484100 DR478464.1	121	122	<i>Picea sitchensis</i>
Pinta_SYT1	DT625916	123	124	<i>Pinus faeda</i>
Poptr_SYT1	DT476906	125	126	<i>Populus tremula</i>
Sacof_SYT1	CA078249.1 CA078630 CA082679 CA234526 CA239244 CA083312*	127	128	<i>Saccharum officinarum</i>
Sacof_SYT2	CA110367	129	130	<i>Saccharum officinarum</i>
Sacof_SYT3	CA161933.1 CA265085*	131	132	<i>Saccharum officinarum</i>
Soltu_SYT1	CK265597	133	134	<i>Solanum tuberosum</i>
Sorbi_SYT3	CX611128	135	136	<i>Sorghum bicolor</i>
Triae_SYT2	CD901951	137	138	<i>Triticum aestivum</i>

(continuación)

Nombre	Número de acceso de nucleótidos NCBI	SEC ID N° de la secuencia de ácido nucleico	SEC ID N° del polipéptido traducido	Fuente
Triae_SYT3	BJ246754 BJ252709*	139	140	<i>Triticum aestivum</i>
Vitvi_SYT 1	DV219834	141	142	<i>Vitis vinifera</i>
Zeama_SYT3	CO468901	143	144	<i>Zea mays</i>
Brana_SYT	ND	150	151	<i>Brassica napus</i>
Glyma_SYT	ND	152	153	<i>Glycine max</i>
*Recopilado de los accesos citados ND: no disponible (patentado)				

5 En la Tabla 4 más arriba, se proporcionan ejemplos de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SYT. Dichos ácidos nucleicos son útiles para realizar los procedimientos de la invención. Las secuencias de aminoácidos proporcionadas anteriormente en la Tabla 4 son secuencias ejemplo de ortólogos y parálogos del polipéptido SYT representado por la SEC ID N°: 58, siendo los términos “ortólogos” y “parálogos” como se define en el presente documento. Adicionalmente, los ortólogos y parálogos pueden identificarse fácilmente realizando una búsqueda BLAST denominada recíproca. Típicamente, esto implica un primer BLAST que implica una secuencia de consulta BLASTing (por ejemplo usando cualquiera de las secuencias indicadas anteriormente en la Tabla 4) contra cualquier base de datos de secuencia, 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 de proteína. Los resultados BLAST pueden filtrarse opcionalmente. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o no filtrados vuelven después a buscarse con BLAST (segundo BLAST) contra las secuencias del organismo del cual procede la secuencia de consulta (donde la secuencia de consulta es la SEC ID N°: 59 o SEC ID N°: 60, 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 entre los mayores aciertos; 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.

25 Los aciertos de alta clasificación son aquellos que tienen un valor E bajo. Cuanto menor es el valor E, más significativa la clasificación (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 clasifican 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) sobre una longitud particular. 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.

35 Se debe entender que las secuencias que caen en la definición de un “polipéptido SYT” no se limitan a los polipéptidos proporcionados en la Tabla 4 (y mencionadas en el protocolo de secuencias), sino que cualquier polipéptido que comprenda del N-terminal a C-terminal: (i) un dominio HNS que tiene al menos el 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58; y (ii) a un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG, puede ser adecuado en la realización de los procedimientos de la invención. Preferentemente, el dominio HNS comprende los restos mostrados en negro en la Figura 2. De forma adicional, el polipéptido SYT puede comprender uno o más de los siguientes: a) SEC ID N°: 146; (b) SEC ID N°: 147; y (c) un dominio rico en Met en el extremo N precediendo al dominio HNS. Muy preferentemente, el polipéptido SYT es como se representa en SEC ID N°: 60, SEC ID N°: 151 o SEC ID N°: 153.

45 Un polipéptido SYT interactúa de forma típica con polipéptidos GRF (acrónimo del inglés *growth-regulating factor*: factor de regulación del crecimiento) en sistemas de doble híbrido de levadura. Los ensayos de interacción de doble híbrido de levadura se conocen bien en la técnica (véase Field y col. (1989) Nature 340(6230): 245-246). Por ejemplo, el polipéptido SYT como se representa en SEC ID N°: 4 es capaz de interactuar con AtGRF5 y con AtGRF9.

En una realización adicional, la divulgación proporciona una secuencia de ácido nucleico aislada que comprende una secuencia de ácido nucleico seleccionada del grupo que consiste de:

- (a) una secuencia de ácido nucleico aislada como se ilustra en SEC ID N°: 150 y SEC ID N°: 152;
- (b) una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica el polipéptido como se ilustra en SEC ID N°: 151 y SEC ID N°: 153;
- (c) una secuencia de ácido nucleico aislada cuya secuencia se puede deducir a partir de un polipéptido como se ilustra en SEC ID N°: 151 y SEC ID N°: 153 como un resultado de la degeneración del código genético;
- (d) una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica un polipéptido que tiene al menos el 70 % de identidad con el polipéptido codificado en la secuencia de ácido nucleico de (a) a (c);

(e) una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica un homólogo, derivado o fragmento activo del polipéptido como se ilustra en SEC ID N°: 151 y SEC ID N°: 153, cuyo homólogo, derivado o fragmento es de origen vegetal y comprende de forma ventajosa, del extremo N-terminal al extremo C-terminal:

(i) un dominio HNS que tiene en orden creciente de preferencia al menos el 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58;

(ii) un dominio rico en Met;

(iii) un dominio rico en QG;

(f) una secuencia de ácido nucleico aislada capaz de hibridar con un ácido nucleico de (a) a (c) anteriores, o su complementaria, en la que la secuencia que hibrida, o la complementaria de la misma, codifica la proteína de planta de (a) a (e);

con lo que la expresión modificada de la secuencia de ácido nucleico aumenta el rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés abiótico, en comparación con las plantas de control.

Las secuencias de ácido nucleico que codifican polipéptidos SYT, como se proporciona en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° anteriormente mencionadas, no precisan ser secuencias de ácido nucleico de longitud completa, dado que la realización de los procedimientos de la invención no depende del uso de secuencias de ácido nucleico de longitud completa.

Las variantes de ácido nucleico de SYT pueden ser también adecuadas en la práctica de los procedimientos de la invención. De forma típica, las secuencias de ácido nucleico de SYT variantes son aquellas que tienen la misma función que una secuencia de ácido nucleico de SYT de origen natural, lo que puede ser la misma función biológica, o la función de aumento de rendimiento y/o del vigor temprano, cuando la expresión de la secuencia de ácido nucleico se modula en una planta en estrés abiótico con respecto a las plantas de control. Dichas variantes incluyen porciones de una secuencia de ácido nucleico de SYT, variantes de corte y empalme de una secuencia de ácido nucleico de SYT, variantes alélicas de una secuencia de ácido nucleico de SYT, variantes de una secuencia de ácido nucleico de SYT obtenidas por combinación de genes y/o secuencias de ácido nucleico capaces de hibridar con una secuencia de ácido nucleico de SYT como se define a continuación. Preferentemente, la variante de ácido nucleico es una variante de una secuencia de ácido nucleico, es como se representa en SEC ID N°: 59, SEC ID N°: 150 o SEC ID N°: 152. Las expresiones secuencia que hibrida, variante de corte y empalme, variante alélica y combinación de genes, son como se describe en el presente documento.

Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos PRP SYT no tienen por qué ser ácidos nucleicos de longitud completa, dado que la realización de los procedimientos de la invención no se basa en el uso de secuencias de ácidos nucleicos completas. De acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para potenciar el rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés abiótico, que comprende introducir y expresar en una planta una porción de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla 4, o una porción de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo y homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla 4.

El término porción como se usa en el presente documento se refiere a un trozo de ADN que codifica un polipéptido que comprende del N-terminal al C-terminal: (i) un dominio HNS que tiene en orden creciente de preferencia al menos el 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58 y (ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG. Se puede preparar una porción, por ejemplo, haciendo una o más deleciones a una secuencia de ácido nucleico de SYT. Se pueden usar las porciones de forma aislada, o pueden fusionarse a otras secuencias codificantes (o no codificantes) para, por ejemplo, producir un polipéptido que combine varias actividades. Cuando está fusionado con otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido en la traducción puede ser más grande que el predicho para el fragmento SYT. Preferentemente, la porción es una porción de una secuencia de ácido nucleico como se representa por una cualquiera de las proporcionadas en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° anteriormente mencionadas. Muy preferentemente, la porción es una porción de una secuencia de ácido nucleico como se representa en SEC ID N°: 59, SEC ID N°: 150 o SEC ID N°: 152.

Otra variante de variante de una secuencia de ácido nucleico SYT es una secuencia de ácido nucleico capaz de hibridar en condiciones de rigurosidad reducida, preferentemente en condiciones rigurosas, con una secuencia de ácido nucleico de SYT como se define anteriormente en el presente documento, cuya secuencia que hibrida codifica

un polipéptido SYT o una porción como se define anteriormente en el presente documento.

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para potenciar el rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés abiótico, que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridar con uno cualquiera de los ácidos nucleicos dados en la Tabla 4, o que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridar con un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos dadas en la Tabla 4.

Las secuencias de hibridación útiles en los procedimientos de la invención codifican un polipéptido SYT que comprende del N-terminal al C-terminal : (i) un dominio HNS que tiene en orden creciente de preferencia al menos el 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58 y (ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG. Preferentemente, la secuencia de hibridación es una que es capaz de hibridar con una secuencia de ácido nucleico como se proporciona en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionados anteriormente, o con una porción de cualquiera de las secuencias mencionadas anteriormente como se define anteriormente en el presente documento. Muy preferentemente, la secuencia de hibridación es una que es capaz de hibridar con una secuencia de ácido nucleico, es como se representa en SEC ID N°: 59, SEC ID N°: 150, SEC ID N°: 152, o a porciones (o sondas) de las mismas. Los procedimientos para el diseño de sondas son bien conocidos en la técnica. Las sondas en general son de menos de 1.000 pb de longitud, preferentemente de menos de 500 pb de longitud. Normalmente, las longitudes de las sondas para las hibridaciones ADN-ADN, tales como transferencia de Southern, varían entre 100 y 500 pb, mientras que la región de hibridación en sondas para hibridaciones ADN-ADN, tales como en amplificación por PCR, en general son más cortas de 50 pero más largas de 10 nucleótidos. La secuencia de hibridación es, de forma típica, al menos de 100, 125, 150, 175, 200 o 225 nucleótidos de longitud, preferentemente al menos de 250, 275, 300, 325, 350, 375, 400, 425, 450 o 475 nucleótidos de longitud, de forma adicional preferentemente al menos de 500, 525, 550, 575, 600, 625, 650, 675, 700 o 725 nucleótidos de longitud, o tan larga como un ADNc de SYT de longitud completa.

Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención es una variante de corte y empalme que codifica un polipéptido, SYT como se define anteriormente en el presente documento. Las variantes de corte y empalme preferentes son variantes de corte y empalme de las secuencias de ácido nucleico de SYT, como se proporciona en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente. Muy preferente es una variante de corte y empalme de una secuencia de ácido nucleico de SYT como se representa en SEC ID N°: 59, SEC ID N°: 150 o SEC ID N°: 152.

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para potenciar el rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés abiótico, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de corte y empalme de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla 4, o una variante de corte y empalme de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos dadas en la Tabla 4.

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 SYT como se define anteriormente en el presente documento. Las variantes alélicas existen en la naturaleza, y los procedimientos de la presente invención abarcan el uso de estos alelos naturales. Las variantes alélicas preferidas son variantes alélicas de las secuencias de ácido nucleico de SYT, como se proporciona en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° anteriormente mencionadas. Muy preferente es una variante de corte y empalme de una secuencia de ácido nucleico de SYT como se representa en SEC ID N°: 59.

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para potenciar el rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés abiótico, que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de uno cualquiera de los ácidos nucleicos dados en la Tabla 4, o que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos dadas en la Tabla 4.

Una variante de ácido nucleico adicional, útil en los procedimientos de la invención, es una variante de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT obtenido mediante combinación de genes (o evolución dirigida).

Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención es una variante de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT obtenido mediante mutagénesis dirigida. La mutagénesis dirigida puede usarse para generar variantes de secuencias de ácido nucleico de SYT. Están disponibles varios procedimientos para lograr la mutagénesis dirigida, siendo los más comunes los procedimientos basados en PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds).

De acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para potenciar el rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés abiótico, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de una cualquiera de las secuencias de ácido nucleico proporcionadas en la Tabla 4, o que comprende introducir y expresar en una planta una variante de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las

secuencias de ácido nucleico proporcionadas en la Tabla 4, cuyo ácido nucleico variante se obtiene mediante combinación de genes o mutagénesis dirigida.

Las siguientes variantes de ácido nucleico de SYT son ejemplos de variantes adecuadas en la práctica de los procedimientos de la invención:

- 5 (i) una porción de una secuencia de ácido nucleico de SYT;
- (ii) una secuencia de ácido nucleico capaz de hibridar con una secuencia de ácido nucleico de SYT;
- (iii) una variante de corte y empalme de una secuencia de ácido nucleico de SYT;
- (iv) una variante alélica de una secuencia de ácido nucleico de SYT;
- (v) una secuencia de ácido nucleico de SYT obtenida mediante combinación de genes;
- 10 (vi) una secuencia de ácido nucleico de SYT obtenida mediante mutagénesis dirigida.

Son también útiles en los procedimientos de la invención, ácidos nucleicos que codifican homólogos de polipéptidos SYT como los proporcionados en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente.

15 Son también útiles en los procedimientos de la invención, ácidos nucleicos que codifican derivados de una cualquiera de las secuencias de ácido nucleico de SYT, como las proporcionadas en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente. Los derivados de ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente, son ejemplos adicionales que pueden ser adecuados para su uso en los procedimientos de la invención.

20 Las secuencias de ácido nucleico de SYT se pueden obtener de cualquier fuente artificial o fuente natural, tal como plantas, algas, hongos o animales. Se puede modificar la composición y/o entorno genómico de la secuencia de ácido nucleico a partir de su forma natural a través de manipulación deliberada del ser humano. Preferentemente, la secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT es de origen vegetal. La secuencia de ácido nucleico se puede aislar de especies dicotiledóneas, preferentemente de la familia *Brassicaceae*, de forma adicional preferentemente de *Arabidopsis thaliana* o de *Brassica napus*. Alternativamente, la secuencia de ácido nucleico puede aislarse de la familia *Fabaceae*, preferentemente de *Glycine max*. Más preferentemente, la secuencia de ácido nucleico de SYT aislada de:

- (a) *Arabidopsis thaliana* es como se representa en SEC ID N°: 59 y el polipéptido SYT como se representa en SEC ID N°: 60;
- 30 (b) *Brassica napus* es como se representa en SEC ID N°: 150 y el polipéptido SYT como se representa en SEC ID N°: 151;
- (c) *Glycine max* es como se representa en SEC ID N°: 152 y el polipéptido SYT como se representa en SEC ID N°: 153.

35 Las expresiones “rendimiento”, “rendimiento de semilla” y “vigor temprano” son como se definen anteriormente. Los términos “aumentado”, “mejorado”, “potenciado”, “amplificado”, “extendido”, o “elevado” son indistintos, y se definen anteriormente en el presente documento. Tomando al maíz como ejemplo, un aumento en el rendimiento puede manifestarse como uno o más de los siguientes: el aumento del número de plantas por metro cuadrado, un aumento en el número de mazorcas por planta, un aumento en el número de hileras, el número de granos por hilera, el peso del grano, el peso de mil granos, el longitud/diámetro de la mazorca, el aumento de 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.

40 Tomando el arroz como ejemplo, un aumento del rendimiento puede manifestarse como un aumento en uno o más de los siguientes: el número de plantas por metro cuadrado, el número de panículas por planta, el número de espigas por panícula, el número de flores (floretes) por panícula (que se expresa como una proporción del número de semillas llenas sobre el número de panículas principales), el 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), el aumento en el peso de mil granos, entre otros.

45 Un aumento en el rendimiento puede dar como resultado una arquitectura modificada, o puede producirse como resultado de la arquitectura modificada.

50 De acuerdo con una característica preferente, la realización de los procedimientos de la invención da como resultado plantas que tienen biomasa aumentada, rendimiento de semilla y/o vigor temprano aumentados en estrés abiótico, con respecto a las plantas de control. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar la biomasa, el rendimiento de semilla y/o el vigor temprano en una planta en estrés abiótico, con respecto a las plantas de control, cuyo procedimiento comprende modular la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT. Preferentemente, en el presente documento, por biomasa aumentada se entiende que se refiere a la parte aérea (o biomasa foliar) durante el desarrollo de la planta y en la madurez. Preferentemente, en el presente documento por rendimiento de semilla aumentado se entiende que se refiere a uno cualquiera de los siguientes: rendimiento de semilla total, número de semillas llenas, tasa de llenado de semilla, PMG e índice de cosecha.

Dado que las plantas transgénicas, de acuerdo con la presente divulgación, tienen el rendimiento aumentado en estrés abiótico, es probable que estas plantas presenten en estrés abiótico una tasa de crecimiento aumentada (durante al menos parte de su ciclo de vida, por ejemplo en la etapa de plántula para el vigor temprano) con respecto a la tasa de crecimiento de plantas de control en la etapa correspondiente de su ciclo de vida. La tasa de crecimiento aumentada puede ser específica a una o más partes de una planta (incluyendo semillas), o puede ser sustancialmente en toda la planta. El aumento en la tasa de crecimiento puede tener lugar en una o más etapas en el ciclo de vida de una planta o durante sustancialmente el ciclo de vida completo de una planta. Una tasa de crecimiento aumentada durante las etapas tempranas en el ciclo de vida de una planta puede reflejar vigor potenciado. 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 aumenta de forma suficiente, puede permitir la siembra adicional de semillas de la misma especie de la planta (por ejemplo el plantado y la 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 seguido 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 posibles. Alterar el ciclo de cosecha de una planta puede conducir a un aumento en producción de biomasa anual por metro cuadrado (debido a un aumento en el número de tiempos (dicho 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 bien en el momento de plantar (estación temprana) o bien en el momento de cosechar (estación tardía). Dichas condiciones adversas pueden evitarse si se acorta el ciclo de la cosecha. La tasa de crecimiento puede determinarse derivando diversos parámetros de curvas de crecimiento, dichos parámetros pueden ser: T-Medio (el tiempo que tardan las planta en alcanzar el 50 % de su tamaño máximo) y T-90 (el tiempo que tardan las plantas en alcanzar el 90 % de su tamaño máximo) entre otros. La tasa de crecimiento de las plantas se mide en estrés abiótico, tal como estrés salino, estrés hídrico (sequía o exceso de agua); estrés por disponibilidad reducida de nutrientes; estreses por temperatura, provocados por temperaturas calientes o frías/de congelación atípicas; estrés oxidativo; estrés metálico; estrés por toxicidad química; o una combinación de los mismos.

La realización de los procedimientos de la invención proporciona plantas que tienen en estrés abiótico una tasa de crecimiento aumentada, con respecto a las plantas de control. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar la tasa de crecimiento en plantas en estrés abiótico con respecto a las plantas de control, cuyo procedimiento comprende modular la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT.

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. El estrés leve conduce a una reducción en el crecimiento de la planta estresada de menos de 40 %, 35 % o 30 %, preferentemente menos del 25 %, 20 % o 15 %, más preferentemente menos de 14 %, 13 %, 12 %, 11 % o 10 % o menos en comparación con la planta de control en condiciones sin estrés. Debido a los avances en las prácticas agrícolas (riego, fertilización, tratamientos con pesticidas) las formas de estrés intenso no se encuentran frecuentemente en las plantas cultivadas. Como consecuencia, el crecimiento comprometido inducido por estrés leve es a menudo una característica indeseable para la agricultura. Los estreses leves son los estreses típicos a los que puede estar expuesta una planta. Estos estreses pueden ser los estreses bióticos y/o abióticos (ambientales) comunes a los que está expuesta una planta. Los estreses bióticos son típicamente aquellos estreses provocados por patógenos, tales como bacterias, virus, hongos, nematodos e insectos. Los estreses abióticos o ambientales típicos comprenden uno cualquiera o más de: estrés salino, estrés hídrico (sequía o a exceso de agua), disponibilidad reducida de nutrientes, estreses térmicos provocados por temperaturas altas o frías/de congelación, estrés oxidativo, estrés metálico o estrés por toxicidad química.

La realización de los procedimientos de acuerdo con la presente invención produce plantas que tienen en estrés abiótico el rendimiento y/o el vigor temprano aumentados, con respecto a las plantas de control. Como se informa en Wang y col., (Planta (2003) 218: 1-14), el estrés abiótico conduce a una serie de cambios morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares que afectan de forma adversa el crecimiento y la productividad de la planta. La sequía, la salinidad, las temperaturas extremas y el estrés oxidativo, a menudo están interconectados y pueden inducir daño en el crecimiento y daño celular a través de mecanismos similares. Por ejemplo, la sequía y/o salinización se manifiestan principalmente como estrés osmótico, dando como resultado la alteración de la homeostasis y de la distribución iónica en la célula. El estrés oxidativo, que de forma frecuente acompaña a alta o baja temperatura, salinidad o estrés por sequía, puede provocar la desnaturalización de proteínas funcionales y estructurales. La disponibilidad reducida de nutrientes, en particular la disponibilidad reducida de nitrógeno, es un factor limitante principal del crecimiento de la planta, por ejemplo a través de la disponibilidad reducida de aminoácidos para la síntesis de proteínas. En consecuencia, estos diversos estreses medioambientales a menudo activan rutas de señalización celulares y respuestas celulares semejantes, tales como la producción de proteínas de estrés, la regulación positiva de antioxidantes, la acumulación de solutos compatibles y la detención del crecimiento.

Dado que diversos estreses ambientales activan rutas semejantes, la ejemplificación con el estrés salino no debería verse como una limitación al estrés salino, sino más bien como una selección para indicar la implicación de los polipéptidos SYT en los estreses abióticos en general. Una revisión en TRENDS in Plant Science (Jian-Kang Zhu, Vol. 6, N.º 2, Feb. 2001) confirma que las plantas transgénicas que funcionan mejor en estrés salino, a menudo también funcionan mejor en otros estreses incluyendo enfriamiento, congelación, calor y sequía. Se ha informado sobre un particularmente alto grado de "comunicación" entre el estrés por sequía y el estrés por alta salinidad (Rabbani y col., Plant Physiology, Diciembre 2003, Vol. 133, pág. 1755-1767). Por lo tanto, sería obvio que un polipéptido SYT (como se define en el presente documento) junto con su utilidad en el aumento del rendimiento y/o el vigor temprano en plantas en estrés salino, también encontraría uso en el aumento del rendimiento y/o del vigor temprano de la planta en otros diversos estreses abióticos.

La expresión "estrés abiótico" como se define en el presente documento, se entiende que se refiere a uno cualquiera o más de: estrés salino, estrés hídrico (sequía o exceso de agua), estrés por disponibilidad reducida de nutrientes, estreses térmicos provocados por temperaturas elevadas o frías/de congelación atípicas, estrés oxidativo, estrés metálico o estrés por toxicidad química. La expresión estrés salino no se restringe a la sal común (NaCl), sino que puede ser una cualquiera o más de: NaCl, KCl, LiCl, MgCl<sub>2</sub>, CaCl<sub>2</sub>, entre otras.

La realización de los procedimientos de la invención proporciona plantas que tienen el rendimiento aumentado en condiciones de estrés por disponibilidad reducida de nutrientes con respecto a las plantas de control.

Los procedimientos de la invención son aplicables de forma ventajosa a cualquier planta. Las plantas que son particularmente útiles en los procedimientos de la invención incluyen a todas las plantas que pertenecen a la superfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo forraje o leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimentarios, árboles o arbustos. De acuerdo con una realización preferente 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. Ejemplos de cereales incluyen arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, triticale, sorgo escanda, espelta, secale, carraón, tef, milo y avena.

Un procedimiento preferente para la introducción de una modificación genética es introducir y expresar en una planta una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT. Un polipéptido SYT se define como un polipéptido que comprende del extremo N-terminal al extremo C-terminal: (i) un dominio HNS que tiene en orden creciente de preferencia al menos el 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58; y (ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG. Preferentemente, el dominio HNS comprende los restos mostrados en negro en la Figura 2. De forma adicional, preferentemente el dominio HNS está representado en SEC ID N° 57.

De acuerdo con un aspecto preferente de la presente invención, la expresión modulada de una secuencia de ácido nucleico de SYT, es expresión aumentada. El aumento en la expresión puede conducir a niveles elevados de ARNm o de polipéptido SYT, lo que podría equipararse a la actividad elevada del polipéptido SYT; o la actividad podría elevarse cuando no hay cambios en los niveles de polipéptido, o incluso cuando hay una reducción en los niveles de polipéptido. Esto puede producirse cuando las propiedades intrínsecas del polipéptido SYT están alteradas mediante, por ejemplo, la preparación de versiones mutantes que sean más activas que el polipéptido de tipo silvestre. Se conocen en la técnica los procedimientos para aumentar o reducir la expresión de genes o de productos de genes.

La divulgación también proporciona construcciones genéticas y vectores para facilitar la introducción y/o expresión de las secuencias de nucleótidos útiles en los procedimientos de acuerdo con la invención.

Por lo tanto, se proporciona una construcción genética que comprende:

- (i) Una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT, como se define anteriormente en el presente documento, o una secuencia de ácido nucleico como se representa en SEC ID N°: 150 o SEC ID N°: 152;
- (ii) Uno o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (i); y opcionalmente
- (iii) Una secuencia de terminación de la transcripción.

Una construcción preferente es una donde la secuencia de control es un promotor obtenido de una planta, preferentemente de una planta monocotiledónea si se va a transformar una monocotiledónea.

Las construcciones útiles en los procedimientos, de acuerdo con la presente invención, se pueden construir utilizando tecnología del ADN recombinante que conocen bien los expertos en la materia. Las construcciones genéticas se pueden insertar en vectores, que pueden estar disponibles de forma comercial, adecuados para transformar plantas y adecuados para la expresión del gen de interés en las células transformadas.

Las plantas están transformadas con un vector que comprende la secuencia de interés (es decir, la secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT). La secuencia de interés está unida operativamente a una o más secuencias de control (al menos a un promotor).

5 De forma ventajosa, para dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico puede usarse cualquier tipo de promotor.

Los promotores útiles son promotores constitutivos (Benfey y col., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), tales como aquellos que se originan de virus de planta, tales como 35S CAMV (Franck y col., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (véanse también los documentos US 5352605 y WO 84/02913), 34S FMV (Sanger y col., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443), el promotor de ubiquitina de perejil, o promotores de planta tales como el promotor de la subunidad pequeña del Rubisco, descrito en el documento US 4.962.028, o los promotores de planta PRP1 [Ward y col., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], SSU, PGEL1, OCS [Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553-2557], lib4, usp, mas [Comai (1990) Plant Mol Biol 15 (3):373-381], STLS1, ScBV (Schenk (1999) Plant Mol Biol 39(6): 1221-1230), B33, SAD1 o SAD2 (promotores de lino, Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696-1701) o nos [Shaw y col. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20):7831-7846]. Los promotores de la V-ATPase de la remolacha azucarera son ejemplos adicionales de promotores constitutivos de plantas (documento WO 01/14572). El Super promotor (documento WO 95/14098) y los promotores obtenidos de cajas G (documento WO 94/12015), son ejemplos de promotores constitutivos sintéticos. Si es apropiado, además pueden utilizarse también promotores inducibles químicos, compárense los documentos EP-A 388186, EP-A 335528, WO 97/06268. De acuerdo con la divulgación, puede ser ventajosa la expresión constitutiva estable de los polipéptidos en una planta. Sin embargo, la expresión inducible del polipéptido de la divulgación es ventajosa, si es de ventaja una expresión tardía antes de la cosecha, dado que la manipulación metabólica puede conducir al retraso del crecimiento de la planta.

También se puede facilitar la expresión de genes de planta a través de un promotor inducible químico (para una revisión, véase Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Los promotores inducibles de forma química son particularmente adecuados cuando se desea expresar el gen de una manera específica de tiempo. Los ejemplos de tales promotores son un promotor inducible por ácido salicílico (documento WO 95/19443), y el promotor inducible por ácido abscísico (documento EP 335 528), un promotor inducible por tetraciclina (Gatz y col. (1992) Plant J. 2, 397-404), un promotor inducible por ciclohexanol o etanol (documento WO 93/21334) u otros como se describe en el presente documento.

Otros promotores adecuados son aquellos que reaccionan al estrés biótico o abiótico, por ejemplo, el promotor del gen PRP1 inducido por patógeno (Ward y col., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), el promotor hsp80 inducible por calor del tomate (documento US 5.187.267), el promotor de alfa-amilasa inducible por enfriamiento de la patata (documento WO 96/12814) o el promotor pinll inducible por daño (documento EP-A-0 375 091), u otros como se describe en el presente documento.

Los promotores preferentes son en particular aquellos que llevan la expresión del gen en tejidos y órganos, en células de semillas, tales como células de endospermo y células del embrión en desarrollo. Los promotores adecuados son el promotor del gen de napina de la colza de semillas oleaginosas (documento US 5.608.152), el promotor USP de *Vicia faba* (Baeumlein y col., Mol Gen Genet, 1991,225 (3): 459-67), el promotor de oleosina de Arabidopsis (documento WO 98/45461), el promotor de faseolina de *Phaseolus vulgaris* (documento US 5.504.200) el promotor Bce4 de Brassica (documento WO 91/13980), el promotor arc5 de judía, el promotor DcG3 de zanahoria, o el promotor de B4 Legumina (LeB4; Baeumlein y col., 1992, Plant Journal, 2 (2): 233-9), y promotores que ocasionan la expresión específica en semillas en plantas monocotiledóneas tales como maíz, cebada, trigo, centeno, arroz y similares. Los promotores específicos de semilla ventajosos, son el promotor de la proteína de unión a sacarosa (documento WO 00/26388), el promotor de faseolina y el promotor de napina. Los promotores adecuados que deben considerarse son el promotor de los genes lpt2 o lpt1 de cebada (documentos WO 95/15389 y WO 95/23230), y los promotores descritos en el documento WO 99/16890 (promotores del gen de hordeína de cebada, el gen de glutelina de arroz, el gen de orizina de arroz, el gen de prolamina de arroz, el gen de gliadina de trigo, el gen de glutelina de trigo, el gen de zeína de maíz, el gen de glutelina de avena, el gen de casirina de sorgo y el gen de secalina de centeno). Promotores adecuados adicionales son Amy32b, Amy 6-6 y Aleuraina [documento US 5.677.474], Bce4 (colza de semillas oleaginosas) [documento US 5.530.149], glicinina (soja) [documento EP 571 741], carboxilasa fosfoenolpiruvato (soja) [documento JP 06/62870], ADR12-2 (soja) [documento WO 98/08962], isocitrato liasa (colza de semillas oleaginosas) [documento US 5.689.040] o  $\alpha$ -amilasa (cebada) [documento EP 781 849]. Otros promotores que están disponibles para la expresión de genes en plantas son promotores específicos de hoja, tales como aquellos descritos en el documento DE-A 19644478, o promotores regulados por luz tales como, por ejemplo, el promotor petE de guisante.

55 Promotores de planta adecuados adicionales son el promotor de FBPasa citosólica o el promotor ST-LSI de patata (Stockhaus y col., EMBO J. 8, 1989, 2445), el promotor de fosforribosilpirofosfato amidotransferasa de *Glycine max* (N.º de Acceso GenBank N.º: U87999) o el promotor específico de nódulo descrito en el documento EP-A-0 249 676.

En una realización, la secuencia de ácido nucleico de SYT está unida operativamente a un promotor constitutivo. Un promotor constitutivo está transcripcionalmente activo durante la mayoría, pero no necesariamente durante todas, las fases de su crecimiento y desarrollo, y se expresa substancialmente de forma ubicua. Preferentemente, el



- promotor deriva de una planta, más preferentemente, el promotor es de una planta monocotiledónea si se va a transformar una planta monocotiledónea. Adicionalmente, de forma preferente, el promotor constitutivo es un promotor GOS2, representado por una secuencia de ácido nucleico sustancialmente semejante a SEC ID N°: 145 o SEC ID N°: 56. Más preferentemente el promotor GOS2 es como representa en SEC ID N°: 56 o SEC ID N°: 145.
- 5 Debe quedar claro que la aplicabilidad de la presente invención no se limita a la secuencia de ácido nucleico de SYT representada en SEC ID N°: 59, ni la aplicabilidad de la invención está restringida a la expresión de una secuencia de ácido nucleico de SYT cuando la dirige un promotor GOS2. En la sección de "Definiciones" se muestran ejemplos de otros promotores constitutivos, que también pueden usarse para dirigir la expresión de una secuencia de ácido nucleico de SYT.
- 10 De forma opcional, en la construcción introducida en la planta se pueden usar una o más secuencias terminadoras. Los elementos reguladores adicionales pueden incluir potenciadores transcripcionales así como traduccionales. Los expertos en la técnica serán conscientes de que pueden ser adecuadas sustancias terminadoras y potenciadoras para su uso en la realización de la invención. También puede añadirse una secuencia intrónica en la región no traducida (UTR) 5' o en la secuencia codificante para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol, como se describe en la sección de "Definiciones". Otras secuencias de control (además de las secuencias promotoras, potenciadoras, silenciadoras, intrónicas, regiones UTR3' y/o UTR5') pueden ser elementos estabilizadores de proteína y/o ARN. Un experto en la materia conocería dichas secuencias o podría obtenerlas fácilmente.
- 15 Las construcciones genéticas pueden incluir adicionalmente un origen de secuencia de replicación que es necesario para la conservación y/o replicación en un tipo de célula específico. Un ejemplo es cuando en una célula bacteriana se requiere conservar una construcción genética como un elemento genético episomal (por ejemplo, una molécula de plásmido o de cósmido). Como orígenes de replicación preferidos se incluyen, pero sin limitación f1-ori y colE1.
- 20 Para la detección de la transferencia satisfactoria de las secuencias de ácidos nucleicos como se usa en los procedimientos de la invención y/o selección de plantas transgénicas que comprenden estos ácidos nucleicos, es ventajoso usar genes marcadores (o genes indicadores). Por lo tanto, la construcción genética puede comprender opcionalmente un gen marcador de selección. Los marcadores de selección se describen con más detalle en la sección "Definiciones" del presente documento. Los genes marcadores pueden retirarse o escindir de la célula transgénica una vez que ya no se necesitan. Las técnicas para retirar marcadores son conocidas en la materia, en la sección de "Definiciones" anterior se describen técnicas útiles.
- 25 La divulgación también abarca plantas obtenibles mediante los procedimientos de acuerdo con la presente invención. Por lo tanto, la divulgación proporciona plantas, partes de planta y células de planta obtenibles mediante los procedimientos de acuerdo con la presente invención, cuyas plantas tienen introducidas en ellas una secuencia de ácido nucleico de SYT y cuyas plantas, partes de planta y células de planta son, preferentemente, de una planta de cultivo, de forma adicional preferentemente de una planta monocotiledónea.
- 30 La invención también proporciona un procedimiento para la producción de plantas transgénicas que tienen rendimiento y/o vigor temprano aumentado en estrés abiótico, que comprende la introducción y expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico de SYT.
- 35 Más específicamente, la presente invención proporciona un procedimiento para la producción de plantas transgénicas, preferentemente plantas monocotiledóneas, que tienen uno cualquiera o más de rendimiento total de semilla aumentado, número de semillas llenas aumentado, tasa de llenado de semilla aumentado, PMG aumentado e índice de cosecha aumentado, siendo dicho índice de cosecha la proporción del rendimiento de semilla dividido entre la biomasa total, en comparación con las plantas de tipo silvestre correspondientes en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes, cuyo procedimiento comprende:
- 40 (i) introducir y expresar en una planta, o célula de planta, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1-2, 4, 5 y 7; y
- 45 (ii) cultivar la célula de planta en condiciones que promueven el crecimiento y desarrollo de la planta.
- El ácido nucleico de (i) puede ser cualquiera de los ácidos nucleicos capaces de codificar un polipéptido SYT, como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1-2, 4, 5 y 7, tal como la secuencia de ácido nucleico como se representa en SEC ID N°: 150 o SEC ID N°: 152.
- 50 Las generaciones subsecuentes de las plantas obtenidas de la etapa de cultivo (ii) se pueden propagar mediante una diversidad de medios, tales como propagación clonal o técnicas de reproducción clásicas. Por ejemplo, una planta transformada de primera generación (o T1) puede reproducirse asexualmente para proporcionar transformantes de segunda generación (o T2) homocigotas, y las plantas T2 pueden adicionalmente propagarse a través de técnicas de reproducción clásicas.
- 55 La secuencia de ácido nucleico se puede introducir directamente en una célula de planta o en la propia planta (incluyendo introducción en un tejido, órgano o cualquier parte de una planta). De acuerdo con una característica preferente del procedimiento de la presente invención, la secuencia de ácido nucleico se introduce en una planta mediante transformación.

Generalmente, después de la transformación, las células o grupos de células de planta se seleccionan para detectar la presencia de uno o más marcadores que están codificados por genes que pueden expresarse en plantas cotransferidos con el gen de interés, después de lo cual el material transformado se regenera en una planta completa. Para seleccionar plantas transformadas, el material de planta obtenido en la transformación, como norma, se somete a condiciones selectivas de tal manera que las plantas transformadas pueden diferenciarse de las plantas no transformadas. Por ejemplo, las señales obtenidas de la manera descrita anteriormente pueden plantarse y, después de un periodo de crecimiento inicial, someterse a una selección adecuada por pulverización. Una posibilidad adicional consiste en cultivar las semillas, si fuera apropiado, después de esterilización, en placas de agar usando un agente de selección adecuado de tal manera que solamente las semillas transformadas puedan desarrollarse en plantas. Como alternativa, las plantas transformadas se exploran para determinar la presencia de un marcador de selección tal como el descrito anteriormente.

Después de la transferencia y regeneración de ADN, las plantas supuestamente transformadas pueden evaluarse utilizando, por ejemplo, análisis de Southern, para determinar la presencia del gen de interés, número de copias y/u organización genómica. Como alternativa o adicionalmente, los niveles de expresión del ADN recién introducido pueden supervisarse usando análisis de Northern y/o Western, ambas técnicas bien conocidas por los expertos habituales en la materia.

Las plantas transformadas generadas pueden propagarse mediante diversos medios, tales como mediante técnicas clásicas de propagación clonal o de reproducción. Por ejemplo, una primera generación (o T1) de planta transformada puede reproducirse asexualmente para proporcionar transformantes de segunda generación (o T2), y las plantas T2 pueden propagarse adicionalmente a través de técnicas de reproducción clásicas.

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 divulgación se amplía claramente a cualquier célula de planta o planta producida mediante cualquiera de los procedimientos de la divulgación descritos en el presente documento, y a todas las partes de la planta y propágulos de la misma. La presente divulgación se amplía adicionalmente 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, o características, genotípicas y/o fenotípicas que las producidas por el precursor en los procedimientos de acuerdo con la invención. La divulgación también incluye células hospedadoras que contienen una secuencia de ácido nucleico de SYT aislada. Las células hospedadoras preferentes, de acuerdo con la divulgación, son células de planta. La divulgación también se amplía a las partes cosechables de una planta tales como, pero sin limitación, semillas, hojas, frutos, flores, cultivos germinales, raíces, rizomas, tubérculos y bulbos. La divulgación adicionalmente se refiere a productos derivados, preferentemente derivados de forma directa, de una parte cosechable de tal planta, tal como gránulos o polvos desecados, harina, aceite, grasas y ácidos grasos, almidón o proteínas.

De acuerdo con una característica preferente del procedimiento de la invención, la expresión modulada es expresión aumentada. Los procedimientos para aumentar la expresión de ácidos nucleicos o de genes, o de productos génicos, están bien documentados en la técnica, y se proporcionan ejemplos en la sección de Definiciones.

Alternativamente, la expresión de una secuencia de ácido nucleico que codifica a un polipéptido SYT se puede modular mediante la introducción de una modificación genética, por ejemplo, mediante una cualquiera (o más) de las siguientes técnicas: activación por ADN-T, TILLING, recombinación homóloga, o mediante la introducción y expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT. Después de la introducción de la modificación genética, sigue una etapa de selección por expresión modulada de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT, cuya expresión modulada proporciona plantas que tienen rendimiento y/o vigor temprano aumentados en estrés abiótico.

Una de tales técnicas es el etiquetado en activación de ADN-T. El promotor a introducir puede ser cualquier promotor capaz de dirigir la expresión de un gen en el organismo deseado, en este caso una planta. Por ejemplo, los promotores constitutivos, preferentes de tejido, preferentes de tipo celular e inducibles, son adecuados todos para su uso en la activación de ADN-T. Los efectos de la invención pueden reproducirse también utilizando la técnica de TILLING (Abreviatura de *Targeted Induced Local Lesions In Genomes*: Inducción Dirigida de Lesiones Locales en el Genoma). Los efectos de la invención también se pueden reproducir utilizando recombinación homóloga.

La presente invención también abarca el uso de la secuencia de ácido nucleico de SYT, o el uso de un polipéptido SYT como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1-2, 4, 5 y 7, en la mejora del rendimiento en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes, con respecto a las plantas de control y/o en el que dicho rendimiento aumentado es uno o más de los siguientes: rendimiento total de semilla, número de semillas llenas, tasa de llenado de semilla, PMG e índice de cosecha, en el que el índice de cosecha es la proporción del rendimiento de semilla dividido entre la biomasa total.

Las secuencias de ácido nucleico de SYT, o los polipéptidos SYT, pueden tener uso en programas de cruzamiento en los que se identifica un marcador de ADN que puede estar ligado genéticamente a un SYT. Las secuencias de ácido nucleico de SYT, o los polipéptidos SYT, pueden usarse para definir un marcador molecular. Este marcador de ADN o de polipéptido puede entonces usarse en programas cruzamiento para seleccionar plantas que tengan el rendimiento aumentado. Por ejemplo, el gen SYT puede ser una secuencia de ácido nucleico como se representa en una cualquiera de las secuencias de ácido nucleico de SYT como se proporciona en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente.

Las variantes alélicas de una secuencia de ácido nucleico de SYT también pueden encontrar uso en programas de reproducción asistida mediante marcador. Dichos programas de reproducción a veces requieren la introducción de variación alélicas 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. Después se realiza la identificación de variantes alélicas, 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 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 diferentes de una cualquiera de las secuencias de ácido nucleico de SYT, como se proporciona en la Tabla 4, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente. El rendimiento de crecimiento puede supervisarse en un invernadero o en el campo. Etapas opcionales adicionales incluyen cruzamiento de plantas, en el que se identificó la variante alélica superior con otra planta. Esto podría usarse, por ejemplo, para realizar una combinación de características fenotípicas interesantes.

Las secuencias de ácidos nucleicos de SYT también pueden usarse como sondas 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 las secuencias de ácidos nucleicos de SYT requiere solo una secuencia de ácidos nucleicos de al menos 15 nucleótidos de longitud. Las secuencias de ácidos nucleicos de SYT pueden usarse como marcadores de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (PLFR). Con las secuencias de ácidos nucleicos de SYT pueden explorarse transferencias de Southern (Sambrook J, Fritsch EF y Maniatis T (1989) *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*) de ADN genómico de planta digerido por enzimas de restricción. 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, las secuencias de ácidos nucleicos pueden usarse para explorar 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 polimorfismos de ADN se observa y se usa para calcular la posición de la secuencia de ácido nucleico de SYT en el mapa genético previamente obtenido usando esta población (Botstein y col. (1980) *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331).

La producción y uso de sondas derivadas de genes de plantas para su uso en mapeo genético se describe en Bermatzky y Tanksley (1986) *Plant Mol. Biol. Reporter* 4: 37-41. 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 intercrucamiento F2, poblaciones de retrocruzamiento, poblaciones apareadas al azar, líneas isogénicas cercanas y otros grupos de individuos. Dichas metodologías son bien conocidas por los expertos en la técnica.

Las sondas de ácidos nucleicos 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, páginas 319-346, y referencias citadas en su interior).

En otra realización, las sondas de ácidos nucleicos en mapeo directo de hibridación *in situ* con fluorescencia (HISF, *Fluorescent In Situ Hybridization*) (Trask (1991) *Trends Genet.* 7: 149-154). Aunque los procedimientos actuales del mapeo HISF 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 HISF usando sondas más cortas.

Usando las secuencias de ácidos nucleicos pueden realizarse diversos procedimientos basados en amplificación de ácidos nucleicos para el mapeo genético y físico. Como ejemplos se incluyen la amplificación específica de alelo (Kazazian (1989) *J. Lab. Clin. Med* 11: 95-96), el polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield y col. (1993) *Genomics* 16: 325-332), el ligamiento específico de alelo (Landegren y col. (1988) *Science* 241: 1077-1080), las reacciones de extensión de nucleótidos (Sokolov (1990) *Nucleic Acid Res.* 18: 3671), el Mapeo Híbrido por Radiación (Walter y col. (1997) *Nat. Genet.* 7: 22-28) y el Mapeo Happy (por las siglas en inglés *mapping based on the analysis of approximately HAPloid DNA samples using the Polymerase chain reaction*) (Dear y Cook (1989) *Nucleic Acid Res.* 17: 6795-6807). Para estos procedimientos, se utiliza la secuencia de 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 muy 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 ácidos nucleicos 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 el rendimiento aumentado en estrés abiótico, como se ha descrito anteriormente en el presente documento. Estos rasgos de aumento del rendimiento también pueden combinarse con otros rasgos económicamente ventajosos, tales como rasgos que potencian adicionalmente el rendimiento, la tolerancia a diversos estreses, rasgos que modifican diversas características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

### **Descripción de las figuras**

La **Figura 1** muestra la típica estructura de dominio de los polipéptidos SYT de plantas y mamíferos. El dominio conservado HNS se localiza en el extremo N-terminal del polipéptido. El C-terminal restante del polipéptido, en polipéptidos SYT de planta consiste en un dominio rico en QG, y de un dominio rico en QPGY en polipéptidos SYT de mamíferos. Un dominio rico en Met está comprendido típicamente dentro de la primera mitad del dominio rico en QG (del extremo N-terminal al extremo C-terminal) en plantas, o del rico en QPGY en mamíferos. Un segundo dominio rico en Met puede preceder al dominio HNS en polipéptidos SYT en planta.

La **Figura 2** muestra un alineamiento múltiple del extremo N-terminal de varios polipéptidos SYT, utilizando el programa de alineamiento múltiple VNTI AlignX, en base de un algoritmo ClustalW modificado (InforMax, Bethesda, MD, <http://www.informaxinc.com>), con parámetros predeterminados para la penalización de apertura de hueco de 10 y una extensión de hueco de 0,05. El dominio HNS está recuadrado a través de los polipéptidos SYT de planta y de ser humano. La última línea en el alineamiento consiste en una secuencia consenso obtenida de las secuencias alineadas.

La **Figura 3** muestra un alineamiento múltiple de varios polipéptidos SYT de planta, utilizando el programa de alineamiento múltiple VNTI AlignX, en base de un algoritmo ClustalW modificado (InforMax, Bethesda, MD, <http://www.informaxinc.com>), con parámetros predeterminados para la penalización de apertura de hueco de 10 y una extensión de hueco de 0,05. Los dos dominios principales, del N-terminal al C-terminal, están recuadrados e identificados como dominio HNS y el dominio rico en Met/rico en QG. De forma adicional, el dominio rico en Met N-terminal está también recuadrado, y las posiciones de SEC ID N°: 90 Y SEC ID N° 91 están subrayadas en negrita.

La **Figura 4** muestra un árbol *Neighbour joining*, resultante del alineamiento de múltiples polipéptidos SYT utilizando CLUSTALW 1.83 (<http://align.genome.jp/sit-bin/clustalw>). Los clados SYT1 y SYT2/SYT3 están identificados con llaves.

La **Figura 5** muestra un vector binario p0523, para la expresión en *Oryza sativa* de un AtSYT1 de *Arabidopsis thaliana* bajo el control de un promotor GOS2 (referencia interna PR00129).

La **Figura 6** detalla ejemplos de secuencias. Las SEC ID N°: 56 a 153 se refieren a las secuencias de SYT. Las secuencias de ácido nucleico de SYT se presentan desde el principio al fin. La mayoría de estas secuencias se obtienen a partir de secuenciación EST, que es de calidad inferior. Por lo tanto, pueden encontrarse sustituciones de ácido nucleico.

### **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 otra cosa, se realizarán técnicas de ADN recombinante de acuerdo con los protocolos convencionales descritos en (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York) o en los Volúmenes 1 y 2 de Ausubel y col. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Materiales y procedimientos convencionales de trabajos moleculares en plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (RU) y Blackwell Scientific Publications (RU).

#### **Ejemplo 1: Clonado del Gen de AtSYT1**

Se amplificó el gen de AtSYT1 de *Arabidopsis thaliana* mediante PCR utilizando como molde una biblioteca de ADNc de plántula de *Arabidopsis thaliana* (Invitrogen, Paisley, RU). Después de la transcripción inversa del ARN extraído de plántulas, se clonaron los ADNc en pCMV Sport 6.0. El tamaño promedio del inserto en el banco fue de 1,5 kb, y el número original de clones fue del orden de  $1,59 \times 10^7$  ufc. Después de la primera amplificación de  $6 \times 10^{11}$  ufc/ml, se determinó que el título original era de  $9,6 \times 10^5$  ufc/ml. Después de la extracción de plásmido, se utilizaron 200 ng de molde en una mezcla de PCR de 50  $\mu$ l. Para la amplificación por PCR se utilizaron los cebadores prm06681 (SEC ID N°: 148; en sentido, codón de inicio en negrita, sitio AttB1 en cursiva: 5'-GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACA**ATG**CAACAGCACCTGATG-3') y prm06682 (SEC ID N°: 149; inverso, complementario, sitio AttB2 en cursiva: 5'-GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTATCATTAAAGATTCCTTGTGC-3'), que incluyen los sitios AttB para

la recombinación Gateway. La PCR se realizó utilizando la polimerasa de ADN Hifi Taq en las condiciones habituales. Se amplificó y purificó un fragmento de PCR de 727 pb (incluyendo sitios attB) utilizando también procedimientos habituales. Después se realizó la primera etapa del procedimiento Gateway, la reacción PB, durante la que el fragmento de PCR recombina *in vivo* con el plásmido pDONR201 para producir, de acuerdo con la terminología Gateway, un "clon de entrada", p07466. El plásmido pDONR201 se adquirió en Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.

### **Ejemplo 2: Construcción del Vector**

El clon de entrada p07466 se usó posteriormente en una reacción LR con p00640, un vector destinatario utilizado para transformación de planta (*Oryza sativa*). Este vector contiene, como elementos funcionales dentro de los límites del 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 interés ya clonada en el clon de entrada. Un promotor GOS2 de arroz (SEC ID N°: 145) para expresión constitutiva (PRO0129) se localizaba cadena arriba de este casete Gateway.

Se han descrito muchos sistemas de vector binario (y súper binario) diferentes para la transformación de plantas (por ejemplo An, G. en *Agrobacterium Protocols. Methods in Molecular Biology* vol 44, pág. 47-62, Gartland KMA y MR Davey eds. Humana Press, Totowa, Nueva Jersey). Muchos son a base del vector pBIN19, descrito por Bevan (Nucleic Acid Research. 1984. 12:8711-8721), que incluye un casete de expresión génica en planta flanqueado por las secuencias del borde izquierdo y derecho del plásmido Ti de *Agrobacterium tumefaciens*. Un casete de expresión génica en planta consiste en al menos dos genes - un gen marcador de selección y un promotor de planta regulando la transcripción del ADNc o del ADN genómico del gen del rasgo. Se pueden utilizar diversos genes marcadores de selección, incluyendo el gen Arabidopsis que codifica una enzima ácido acetohidroxi sintasa (AAHS) mutada (Patentes de los Estados Unidos 57673666 y 6225105). De forma semejante, se pueden utilizar diversos promotores para regular el gen del rasgo para proporcionar regulación constitutiva, del desarrollo, tisular o ambiental, de la transcripción del gen.

Después de la etapa de recombinación LR, el vector de expresión resultante pGOS2::AtSYT1 (Figura 5) se transformó en la cepa de *Agrobacterium* LBA4044, utilizando protocolos de choque térmico o de electroporación. Se crecieron las colonias transformadas en medio YEP, y se seleccionaron mediante los antibióticos respectivos, durante dos días a 28 °C. Estos cultivos de *Agrobacterium* se utilizaron para la transformación de plantas.

Para la transformación de plantas se pueden utilizar otras cepas de *Agrobacterium tumefaciens* que son bien conocidas en la técnica. Ejemplos de tales cepas son C58C1 o EHA105.

### **Ejemplo 3: Transformación de plantas**

#### *Transformación de arroz*

El *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión se usó para transformar plantas de *Oryza sativa*. Se descascarillaron semillas secas maduras de la variedad de cultivo japónica de arroz Nipponbare. La esterilización se realizó incubando durante un minuto en etanol al 70 %, seguido de 30 minutos en HgCl<sub>2</sub> 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 incubación en la oscuridad durante cuatro semanas, los callos embrionarios, derivados de escutelo, se cortaron y se propagaron en el mismo medio. Después de 2 semanas, los callos se multiplicaron o se propagaron mediante subcultivo en el mismo medio durante otras 2 semanas. Trozos de callos embriogénicos se subcultivaron en medio reciente 3 días antes del co-cultivo (para reforzar la actividad de la división celular).

Para el cocultivo se usó la cepa LBA4404 de *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión. Se inoculó *Agrobacterium* en medio AB con los anticuerpos apropiados y se cultivó durante 3 días a 28 °C. Después, las bacterias se recogieron y se suspendieron en medio de cocultivo líquido a una densidad (DO<sub>600</sub>) de aproximadamente 1. Después, la suspensión se transfirió a una placa de Petri y los callos se sumergieron en la suspensión durante 15 minutos. Después, los tejidos de callo se secaron por transferencia en un papel de filtro y se transfirieron a medio de cocultivo solidificado y se incubaron durante 3 días en la oscuridad a 25 °C. Los callos cocultivados crecieron sobre un medio que contenía 2,4-D durante 4 semanas en la oscuridad a 28 °C 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 en 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 de PCR cuantitativa 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 guardaron para la cosecha de la semilla T1. Después, las semillas se cosecharon de tres a cinco meses después del trasplante. El procedimiento produjo

transformantes de locus único a una tasa de aproximadamente 50 % (Aldemita y Hodges 1996, Chan y col. 1993, Hiei y col. 1994).

#### *Transformación de maíz*

5 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 genotipos  
 10 específicos son susceptibles a transformación y regeneración. Como progenitores, la línea endogámica A188 (University of Minnesota) o híbridos con A188, son buenas fuentes de material donante para la transformación aunque también pueden usarse otros genotipos satisfactoriamente. Se cosecharon espigas de plantas de maíz  
 15 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 cocultivaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión y las plantas transgénicas se recuperaron a través de organogénesis. Los embriones  
 20 cortados se cultivaron en medio de inducción de callo y después en medio de la regeneración de maíz, que contenía el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, aunque pueden usarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incubaron a la luz a 25 °C durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollasen los brotes. Los  
 25 brotes verdes se transfirieron desde cada embrión al medio de enraizamiento de maíz y se incubaron a 25 °C 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  
 30 contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

#### *Transformación de trigo*

20 La transformación de trigo se realizó con el procedimiento descrito por Ishida y col. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Normalmente se utiliza la variedad de cultivo Bobwhite (disponible en CIMMYT, México) para la transformación. Embriones inmaduros se cocultivaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de  
 25 expresión y las plantas transgénicas se recuperaron a través de organogénesis. Después de la incubación con *Agrobacterium*, los embriones se cultivaron *in vitro* en medio de inducción de callo, después en medio de regeneración que contiene el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, aunque pueden utilizarse diversos  
 30 marcadores de selección). Las placas de Petri se incubaron a la luz a 25 °C 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 °C 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  
 35 contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

#### *Transformación de soja*

35 La soja se transformó de acuerdo con una modificación del procedimiento descrito en el Texas A y 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 en la fundación Illinois Seed) se utiliza normalmente para  
 40 la transformación. Se esterilizaron semillas de soja para la siembra *in vitro*. El hipocotiledóneo, el radículo y un cotiledón se extirparon de plántulas jóvenes de siete días de vida. El epicótilo y el cotiledón restantes se cultivaron adicionalmente para desarrollar nodos axilares. Estos nodos axilares se extirparon y se incubaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión. Después del tratamiento de cocultivo, los explantes  
 45 se lavaron y se transfirieron a medios de selección. Los brotes regenerados se extirparon y se colocaron en un medio de elongación de brote. Los brotes no mayores de 1 cm se colocaron en medio de enraizamiento hasta que se desarrollaron las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron  
 50 semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

#### *Transformación de colza/canola*

45 Peciolos cotiledonarios e hipocótilos de plántulas jóvenes de 5-6 días de vida se utilizaron como explantes para el cultivo tisular y se transformaron de acuerdo con Babic y col. (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). La variedad de cultivo comercial Westar (Agriculture Canadá) es la variedad convencional usada para transformación, pero también  
 50 pueden usarse otras variedades. Se esterilizaron semillas de canola en la superficie para la siembra *in vitro*. Explantes de peciolos cotiledonarios con el cotiledón unido se extirparon de las plántulas *in vitro* y se inocularon con *Agrobacterium* (que contenía el vector de expresión) sumergiendo el extremo cortado del explante del peciolo en la  
 55 suspensión bacteriana. Después, los explantes se cultivaron durante 2 días en medio MSBAP-3 que contenía BAP 3 mg/l, sacarosa al 3 %, Fitagar al 0,7 % a 23 °C, 16 h de luz. Después de dos días de cocultivo con *Agrobacterium*, los explantes de peciolos se transfirieron a medio MSBAP-3 que contenía BAP 3 mg/l, cefotaxima, carbenicilina o timentina (300 mg/l) durante 7 días y después se cultivaron 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 transfirieron al medio de enraizamiento (MS0) para la inducción de raíces. Los brotes enraizados 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*

Utilizando el procedimiento de (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) se transformó un clon de regeneración de alfalfa (*Medicago sativa*). 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, estas pueden seleccionarse de variedades de cultivo Rangelander (Agriculture Canadá) 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, se ha seleccionado la variedad RA3 (University of Wisconsin) para su uso en cultivo tisular (Walker y col., 1978 Am J Bot 65: 654-659). Explantes de peciolos se cocultivaron durante una noche con un cultivo de *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) o LBA4404 que contenía el vector de expresión. Los explantes se cocultivaron durante 3 días en la oscuridad en un medio de inducción SH que contenía Pro 288 mg/l, tioprolina 53 mg/l, K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 4,35 g/l y acetosiringinona 100 µm. Los explantes se lavaron en medio Murashige-Skoog de fuerza media (Murashige y Skoog, 1962) y se sembraron 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 4: Configuración de la evaluación de las plantas de arroz transgénicas de AtSYT1 en estrés abiótico**

Se conservaron cuatro acontecimientos, de los cuales la progenie T1 segregó 3:1 para la presencia/ausencia del transgén. Para cada uno de estos acontecimientos, se seleccionan aproximadamente 15 plántulas T1 que contenían el transgén (hetero y homocigotos) y aproximadamente 15 plántulas T1 que carecían del transgén (nulicigotos) supervisando la expresión con marcador visual. Las plantas transgénicas y los correspondientes nulicigotos se cultivaron a cada lado en posiciones aleatorias. Las condiciones en el invernadero eran días cortos (12 horas de luz), con temperaturas promedio de 28 °C con luz y de 22 °C en oscuridad, y humedad relativa promedio del 70 %.

*Detección de estrés salino*

Las plantas se crecieron en un sustrato hecho de fibras de coco y argex (proporción 3 a 1). Durante las dos primeras semanas después del trasplante de los plantones en el invernadero se usó una solución de nutrientes normal. Después de las dos primeras semanas, se añadió a la solución de nutrientes sal 25 mM (NaCl) hasta que las plantas se cosecharon. Después se midieron los parámetros relacionados con la semilla.

*Detección de sequía*

Se cultivan las plantas en suelo de maceta en condiciones normales hasta que alcanzan la etapa de encabezamiento. Después se transfieren a una sección "seca" en la que se mantiene el riego. Se insertan sondas de humedad en macetas seleccionadas al azar para supervisar el contenido hídrico del suelo (CHS). Cuando el CHS está por debajo de determinados umbrales, las plantas vuelven a regarse automáticamente de manera continua hasta que de nuevo alcanzan un nivel normal. Después las plantas se vuelven a transferir a condiciones normales. El resto del cultivo (maduración de planta, cosecha de semilla) es igual que para las plantas que no se cultivaron en condiciones de estrés abiótico. Después se miden los parámetros relacionados con la semilla.

Un procedimiento alternativo para imponer estrés hídrico en las plantas transgénicas, es mediante el tratamiento con agua que contenga un osmolito como polietilenglicol (PEG) al potencial de agua hídrico específico. Dado que el PEG puede ser tóxico, se somete a las plantas solo a un tiempo de exposición breve, y luego se retoma un riego normal.

*Detección de la disponibilidad reducida de nutrientes (nitrógeno)*

Se crecieron las plantas de arroz en suelo de recipientes en condiciones normales excepto para la solución de nutrientes. Los recipientes se regaron desde el trasplantado hasta la maduración con una solución de nutrientes específica, conteniendo contenido reducido de nitrógeno (N), habitualmente entre 7 y 8 veces menos. El resto del cultivo (maduración de la planta, cosecha de semilla) es el mismo que el de las plantas no crecidas en estrés abiótico. Después se midieron los parámetros relacionados con la semilla.

**Análisis estadístico: ensayo F**

Se utilizó un ANOVA (análisis de varianza) de dos factores como un modelo estadístico para la evaluación global de las características fenotípicas de la planta. Se realizó un ensayo F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los acontecimientos transformados con el gen como se expone en el procedimiento de la invención. El ensayo F se realizó para verificar un efecto del gen sobre todos los acontecimientos de transformación y un efecto global del gen, también conocido efecto génico global. El umbral de significado de un efecto génico global verdadero se establece a un nivel de probabilidad de 5 % para el ensayo F. Un valor significativo del ensayo F para un efecto génico, significa que no solo la presencia o la posición del gen ocasionan las diferencias en el fenotipo.

**Medición de parámetros relacionados con biomasa**

Desde la etapa de siembra hasta la etapa de madurez las plantas pasaron varias veces a través de una cabina de formación de imágenes digital. En cada punto de tiempo se tomaron imágenes digitales (2048x1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta desde al menos 6 ángulos diferentes.

- 5 El área aérea de la planta (o biomasa foliar) se determinó contando el número total de píxeles en las imágenes digitales de las partes aéreas de la planta discriminadas del fondo. Este valor se promedió para las imágenes tomadas en el mismo momento de los diferentes ángulos y se convirtió a un valor de superficie física expresado en mm cuadrados por calibración. Los experimentos mostraron que el área aérea de la planta medida de este modo se correlacionaba con la biomasa de las partes de la planta por encima de la superficie. El área de la parte aérea es el momento en el que la planta ha alcanzado su máxima biomasa foliar. El vigor temprano es el área aérea de la planta (plántula) tres semanas después de la germinación.

**Mediciones de parámetros relacionados con la semilla**

- 15 Las panículas primarias maduras se cosecharon, se contaron, se metieron en bolsas, se etiquetaron con código de barras y después se secaron durante tres días en un horno a 37° C. Después, las panículas se trillaron y todas las semillas se recogieron y se contaron. Las vainas llenas se separaron de las vacías utilizando un dispositivo de soplado de aire. Las vainas vacías se desecharon y la fracción restante volvió a contarse. 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 la semilla se midió pesando todas las vainas llenas cosechadas de una planta. El número total de semillas por planta se midió contando el número de vainas cosechadas de una planta. El peso de mil granos (PMG) se extrapólo del número de semillas llenas contadas y de su peso total. El índice de cosecha (IC) en la presente invención se define como la relación entre el rendimiento de semilla total y el área por encima de la superficie (mm<sup>2</sup>), multiplicado por un factor de 10<sup>6</sup>. El número total de flores por panícula como se define en la presente invención es la relación entre el número total de semillas y el número de panículas primarias maduras. La tasa de llenado de semilla, como se define en la presente invención, es la proporción (expresada en %) del número de semillas llenas sobre el número total de semillas (o floretes).

**Ejemplo 5: Resultados de la evaluación de las plantas de arroz transgénicas de AtSYT1 en estrés abiótico (estrés salino).**

- 30 Los resultados de la evaluación de las plantas de arroz transgénicas de AtSYT1 sometidas a estrés salino se presentan en la Tabla A. También se muestra la diferencia porcentual entre los transgénicos y los nulicigotos correspondientes, con un valor P del test F por debajo de 0,05.

La biomasa aérea, el vigor temprano, el rendimiento total de semilla, el número de semillas llenas, la tasa de llenado de semilla, el PMG y el índice de cosecha, estaban aumentados de forma significativa en las plantas transgénicas de ATSYT1, en comparación con las plantas de control (en este caso, los nulicigotos), en estrés abiótico.

**Tabla A:** Resultados de la evaluación de las plantas de arroz transgénicas de AtSYT1 en estrés abiótico

Rasgo	Diferencia %
Biomasa aérea	19
Vigor temprano	18
Rendimiento total de semilla	30
Número de semillas llenas	18
Tasa de llenado	15
PMG	10
Índice de cosecha	16

- 35 LISTADO DE SECUENCIAS

<110> CropDesign N.V.

- 40 <120> Plantas que tienen el rendimiento aumentado y un procedimiento de producción de las mismas

<130> PF58401-prio

<160> 153

- 45



<170> PatentIn versión 3.3

<210> 1

<211> 2151

5

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 1

atgtgctgtg	gatcagaccg	attaaaccag	atcgtgtcat	caagatcttc	gttgccaatt	60
tctttcgagg	aagataacaa	tcttgttacc	aacacagaca	tgaatcactt	aacagtcgaa	120
acagaggata	cgtttgcgag	cttgcttgag	cttgacgcta	acaacgatgt	tgaaggtgta	180
aggctatcta	tcgagagaga	cccttcttgt	gtagacgaag	ctggctctctg	gtacggtcgt	240
caaaaaggtt	ctaaagctat	ggtcaacgat	tacaggactc	cgttgatggt	tgctgctact	300
tacggaagca	ttgatgtgat	caagcttatt	gtttctttga	ctgatgctga	cgatgaaccgt	360
gcttgccgga	atgatcagac	caactgcgta	cactgocgtg	cttctggagg	agctgtgaat	420
gctatccaag	ttgttaagct	gcttcttgca	gctggagctg	atgtgaatct	gttggatgct	480
gaaggtaaac	gagctggtga	tgttattggt	gttctctcta	agcttgaagg	cgatgaagctg	540
atgcttcagg	agcttctttc	tgctgatgga	tcatctactg	cggagcggaa	tctacgggtt	600
gtgacaaatg	ttccgaatag	aagctcatct	ccgtgtcatt	ctctactg	agagaatggt	660
ggatcagggg	ctggttcacc	gctcggctct	ctttttaagc	tgaatctac	tgaattcaag	720
aaagagtatc	cggttgatcc	gtctttgcca	gatatacaaga	acagtatcta	cgactgat	780
gagtttagaa	tgtattcctt	caaggctcgg	cttctctctc	gtgcttattc	acatgattgg	840
actgagtgtc	ctttgttca	cccgggtgaa	aacgcgagga	ggagagacc	gaggaagttc	900
cattacagct	cgcttcttg	cccggatctt	aggaaaggag	ctttagtagg	aggagatag	960
tgtgagtatg	cgcacggtgt	gttgaatgc	tggcttcac	cggctcagta	caggaccctg	1020
ctttgcaaa	atggaacagg	ctgtgctcgg	cggtttgtt	tctttgcgca	tacaccgag	1080
gagcttcgac	ctttgtacgc	atcaactgg	tcagcggctc	cttcgcctag	atcgaatgct	1140
gattatgcag	ctgctttgag	tctccttct	ggttctccat	caggagtctc	tgtcatgtcc	1200
ccgctttccc	catcagcagc	ggggaacgga	atgtctcatt	cgaatatggc	ttggccacaa	1260
ccaatgtcc	ctgcgttgca	cttaccagga	agcaatctac	agtcaagcag	gctaaggctc	1320
tctctcaatg	caagggatat	cccagcggat	gagttcaata	tgttagcggg	ttacgagcag	1380
cagcaactcc	tcaacgagta	ttccaatgct	ctgagccggt	ctggctcggat	gaaatcaatg	1440
cctccttoga	atcttgaaga	tctttctctc	gcagaaggct	cttcatctcc	ccggttccct	1500
gattccgctt	tagcttccgc	ggtgttctcg	cctacacaca	agtcagctgt	cttcaaccag	1560
ttccaacaac	agcaacagca	gcagcagagc	atgttgtctc	caatcaacac	aagctttctt	1620
tcaccaaa	gcgttgacca	ctcattggtt	tcaggtggag	gaagaatgtc	tctctggaat	1680
gttgttgaac	caatatcacc	catgagtgtc	cggttttcca	tgttggctca	gtgcgtgaag	1740
caacaacaac	agcaacagca	gcagcagcag	cagcaacatc	agttccgtag	ccttagctcc	1800
agagagctca	gaacaaactc	tagcccaatc	gttggttcac	cggtaacaa	caacacatgg	1860
tcatcaaaat	ggggatcttc	aaatggtcaa	ccgattggg	gaatgagctc	agaagcactt	1920
ggtaagttga	gatcttcgtc	atcgtttgat	ggtgatgagc	ctgatgtgtc	atgggtccag	1980
tcactggtga	aggagactcc	agcagaagcc	aaagagaaag	cagcaacatc	ttctcaggg	2040
gaacacgtga	tgaagcagcc	aaatccggtt	gaaccggtaa	tggatcatgc	ttggctagaa	2100
gcttggattg	agcaaatgca	gctcagatcag	cttgtggctc	agcagaattg	a	2151

10

<210> 2

<211> 716

<212> PRT

15

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 2

ES 2 558 133 T3

Met Cys Cys Gly Ser Asp Arg Leu Asn Gln Ile Val Ser Ser Arg Ser  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Pro Ile Ser Phe Glu Glu Asp Asn Asn Leu Val Thr Asn Thr  
 20 25 30  
 Asp Met Asn His Leu Thr Val Glu Thr Glu Asp Thr Phe Ala Ser Leu  
 35 40 45  
 Leu Glu Leu Ala Ala Asn Asn Asp Val Glu Gly Val Arg Leu Ser Ile  
 50 55 60  
 Glu Arg Asp Pro Ser Cys Val Asp Glu Ala Gly Leu Trp Tyr Gly Arg  
 65 70 75 80  
 Gln Lys Gly Ser Lys Ala Met Val Asn Asp Tyr Arg Thr Pro Leu Met  
 85 90 95  
 Val Ala Ala Thr Tyr Gly Ser Ile Asp Val Ile Lys Leu Ile Val Ser  
 100 105 110  
 Leu Thr Asp Ala Asp Val Asn Arg Ala Cys Gly Asn Asp Gln Thr Thr  
 115 120 125  
 Ala Leu His Cys Ala Ala Ser Gly Gly Ala Val Asn Ala Ile Gln Val  
 130 135 140  
 Val Lys Leu Leu Leu Ala Ala Gly Ala Asp Leu Asn Leu Leu Asp Ala  
 145 150 155 160  
 Glu Gly Gln Arg Ala Gly Asp Val Ile Val Val Pro Pro Lys Leu Glu  
 165 170 175  
 Gly Val Lys Leu Met Leu Gln Glu Leu Leu Ser Ala Asp Gly Ser Ser  
 180 185 190  
 Thr Ala Glu Arg Asn Leu Arg Val Val Thr Asn Val Pro Asn Arg Ser  
 195 200 205  
 Ser Ser Pro Cys His Ser Pro Thr Gly Glu Asn Gly Gly Ser Gly Ser  
 210 215 220  
 Gly Ser Pro Leu Gly Ser Pro Phe Lys Leu Lys Ser Thr Glu Phe Lys  
 225 230 235 240  
 Lys Glu Tyr Pro Val Asp Pro Ser Leu Pro Asp Ile Lys Asn Ser Ile  
 245 250 255  
 Tyr Ala Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val Arg Pro Cys  
 260 265 270  
 Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro  
 275 280 285  
 Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Phe His Tyr Ser Cys  
 290 295 300  
 Val Pro Cys Pro Asp Phe Arg Lys Gly Ala Cys Arg Arg Gly Asp Met  
 305 310 315 320  
 Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln  
 325 330 335  
 Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr Gly Cys Ala Arg Arg Val  
 340 345 350  
 Cys Phe Phe Ala His Thr Pro Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Ala Ser  
 355 360 365  
 Thr Gly Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ser Asn Ala Asp Tyr Ala Ala  
 370 375 380  
 Ala Leu Ser Leu Leu Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ser Val Met Ser  
 385 390 395 400  
 Pro Leu Ser Pro Ser Ala Ala Gly Asn Gly Met Ser His Ser Asn Met  
 405 410 415  
 Ala Trp Pro Gln Pro Asn Val Pro Ala Leu His Leu Pro Gly Ser Asn  
 420 425 430  
 Leu Gln Ser Ser Arg Leu Arg Ser Ser Leu Asn Ala Arg Asp Ile Pro  
 435 440 445  
 Thr Asp Glu Phe Asn Met Leu Ala Asp Tyr Glu Gln Gln Gln Leu Leu

ES 2 558 133 T3

```

      450              455              460
Asn Glu Tyr Ser Asn Ala Leu Ser Arg Ser Gly Arg Met Lys Ser Met
465              470              475              480
Pro Pro Ser Asn Leu Glu Asp Leu Phe Ser Ala Glu Gly Ser Ser Ser
      485              490              495
Pro Arg Phe Thr Asp Ser Ala Leu Ala Ser Ala Val Phe Ser Pro Thr
      500              505              510
His Lys Ser Ala Val Phe Asn Gln Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln
      515              520              525
Gln Ser Met Leu Ser Pro Ile Asn Thr Ser Phe Ser Ser Pro Lys Ser
      530              535              540
Val Asp His Ser Leu Phe Ser Gly Gly Gly Arg Met Ser Pro Arg Asn
545              550              555              560
Val Val Glu Pro Ile Ser Pro Met Ser Ala Arg Val Ser Met Leu Ala
      565              570              575
Gln Cys Val Lys Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln
      580              585              590
His Gln Phe Arg Ser Leu Ser Ser Arg Glu Leu Arg Thr Asn Ser Ser
      595              600              605
Pro Ile Val Gly Ser Pro Val Asn Asn Asn Thr Trp Ser Ser Lys Trp
      610              615              620
Gly Ser Ser Asn Gly Gln Pro Asp Trp Gly Met Ser Ser Glu Ala Leu
625              630              635              640
Gly Lys Leu Arg Ser Ser Ser Ser Phe Asp Gly Asp Glu Pro Asp Val
      645              650              655
Ser Trp Val Gln Ser Leu Val Lys Glu Thr Pro Ala Glu Ala Lys Glu
      660              665              670
Lys Ala Ala Thr Ser Ser Ser Gly Glu His Val Met Lys Gln Pro Asn
      675              680              685
Pro Val Glu Pro Val Met Asp His Ala Gly Leu Glu Ala Trp Ile Glu
      690              695              700
Gln Met Gln Leu Asp Gln Leu Val Ala Gln Gln Asn
705              710              715

```

5 <210> 3  
 <211> 13  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

10 <220>  
 <223> motivo 1

15 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (1)..(1)  
 <223> \sustituir = "Ala"

20 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (7)..(7)  
 <223> \sustituir = "Thr"

<400> 3

```

      Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys
      1              5              10

```

25 <210> 4  
 <211> 12  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial



ES 2 558 133 T3

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgtg ctgtggatca gacc 54

5 <210> 8  
 <211> 50  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

10 <220>  
 <223> cebador: prm06718

<400> 8  
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg gttaggtctc tcaattctgc 50

15 <210> 9  
 <211> 981  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

20 <400> 9

aagaggcaag	agcatocgta	ttaaccagcc	ttttgagact	tgagagtgtg	tgtgactcga	60
tccagcgtag	tttcagttcg	tgtgttggtg	agtgattcca	gccaagtttg	cgatggcttc	120
tcagcaggaa	cgggctagct	accacgcctg	cgagaccaag	gcccgcgccc	aggagaagac	180
ggggcgcctg	atgggcacgg	cgcaggagaa	ggcgcgggag	gccaaggaca	cggcgtccga	240
cgccgcgggg	cgccgcgatg	gcaggggaca	cggcgccaag	gaggcgacca	aggagaaggc	300
gtacgagacc	aaggacgcga	ccaaggagaa	ggcgtacgag	gcaaaggacg	cggcctccga	360
cgccaccggc	cgccccatgg	acaaggggcc	cggcgccgcg	ggcgccacga	gggacaaggc	420
gtacgatgcc	aaggacaggg	cggctgacac	ggcgcagtcc	gcccgcgacc	gcgcccgcga	480
cggcgccggg	cagaccggga	gctacattgg	acagaccgcc	gaggccgcca	agcagaaagc	540
ggccggcgcc	gcgcagtagc	ccaaggagac	cgcgatcgcc	ggcaaggaca	agaccggcgc	600
cgtgctccag	caggcagggg	agcaggtaga	gagcgtggcg	gtgggggcca	aggacgcggg	660
gatgtacacg	ctcgggatgt	caggcgataa	caagaacaac	gcccgtgccc	gcaaggacac	720
cagcacctac	aagcctggaa	ctgggagtga	ctaccagtaa	tacggtagaa	gaagcatgtg	780
togtctttgg	cactgatgcc	aaagtgtacg	tgttgtatcc	tcttttttaa	gtttcagctc	840
gacttcgacg	tgttcggtgt	cacactttgg	tttttcagtt	gtgctcaact	gttcatgttt	900
ctggttccat	ggagggccag	tgtggaggtc	aatgtttaag	ctttcgtttt	aaaatctgat	960
aataaagttg	gttaagacct	g				981

25 <210> 10  
 <211> 3372  
 <212> ADN  
 <213> *Eucalyptus grandis*

<400> 10

ES 2 558 133 T3

ggaagacgaa	gagcaacaaa	ataggtctca	ctccctcctc	tctcctctct	cctctctctt	60
ctttctctct	cttctgcttc	taacaaagtc	tcttctctga	gagacagggc	tgcgtcgtcg	120
tctttctctc	tctcgtctgc	gagcttctga	gaaagttcaa	ttctttttct	cttgttctct	180
ctctctacce	ttctgggtac	cactgtgaag	ctccggctct	ttctattttt	tttttttttg	240
ggctatctgg	gtctgggcaa	atccatcgcg	cgctctgctc	tggactgaga	ggccgtcagt	300
ggctttagat	ctgcgacgcc	tcttgcctgc	tcagtgaact	gggctagttc	aaatcgacga	360
agaaagcatg	cgctagtgat	tgggtgtggg	aatacactgc	attcgatctc	tactaagtat	420
ccccaaagt	actaagatcc	cgttctcagc	catgagtcaa	ctgaccattc	agactgagga	480
cacttttgcc	agcttgcctg	agcttgcctg	taacaacgac	acagaatctt	tccgacgggtg	540
tgtggaacgt	gatccttoga	gcatagatga	aattggatat	tggtaggtgc	gccccaaagg	600
ttcgaagcag	gtgggtcaata	tgcгаааааа	tcctcttatg	gtggctgcta	catatggtag	660
tgttgatgta	atgagactca	ttctttgcct	atctgatget	gatgtgaatc	gaacctgcag	720
cacagacaag	agcacagccc	ttcactgtgc	tgcctctggt	gggtctgtga	atgctgtaga	780
tgctgtgagg	ctactcctgt	cagctgggtgc	tgacccaagt	ttagcagatg	ctaacgggtca	840
gcgccctgtg	gatgttattg	ttgttctctc	aaagctcctt	tcaataaagt	ttgctcttga	900
agagctcttg	tgcaccgaag	gatctgtaaa	tgaacacaat	ctgagagtgt	ccgtagccac	960
ttccaattca	acctctcccc	cactttcctc	ttccccggat	aatgggtccc	cagcatctgc	1020
taattgttct	tcccccaaga	actcaaagtt	aagtgatgcc	cctgttcttt	atgcatcaga	1080
aaagaaggaa	taccocgtgg	atccatctct	tcagatatac	aagaatagca	tttactcaac	1140
agatgaattc	cgaatgtatt	cttttaaggt	ggggccttgt	tcacgagcgt	actcgcatga	1200
ttggacggag	tgcctttttg	ttcatccagg	ggagaatgcc	cgtagaaggg	atccaaggaa	1260
gttccactac	agctgtgtcc	cttgccctga	tttccggaa	gggtcttcta	gacgtggaga	1320
tatgtgtgaa	tatgctcatg	gtgtttttga	gtgctggctc	catcctgctc	agtatcggac	1380
tcgattatgc	aaggatggta	caagttgtgc	tccgagagtg	tgttcttttg	cccacacgga	1440
gcaagagctg	cgctcattgt	acgtctccac	tggttctgct	gttccgtctc	ctcgtctcag	1500
tacctctgga	gctgctgcca	tggattttgc	tgcagcctag	agcctcttac	ctggttcccc	1560
atcatcagta	tccatcatgt	ccccctcacc	cttccactct	cccattgtct	cctgtgctaa	1620
tggattttct	cacccatctg	ttgcctggcc	ccagcaaaat	gtaccaactt	tgcattctcc	1680
cggaaagcaat	cttcagtcca	gocgcttgag	atcttctctt	aatgcaagag	atattcctca	1740
ggaggatttt	gacttgcctg	cagattatga	tgtgcaacag	cagcagctcc	taaatgagtt	1800
ttccatcctt	tcacaacaat	cgatgggtgc	taattccttg	aaccgttctg	gtcggctgaa	1860
aactttgacc	ccctcaaac	ttgatgatct	cttctctgct	gagagctcat	ccccctcgta	1920
cgctgatcaa	gccctggctt	ctgctgtttt	ttcaccaacg	cacaaatctg	cagtaatcaa	1980
tcaatttcag	cagcagcagc	agagcatggt	atcacccatc	aacacaacct	tctctcctaa	2040
gagtgtcagc	caccctttgt	tgcaggcgtc	tttcgggtgtt	caatctgggg	gaatgtcccc	2100
tcgtaacatg	gatcccattc	ctcctataag	ttctcgtgtg	tcgatgttgg	ccccacgaga	2160
gaaacagcaa	cagcaattac	gcagcctaag	ctctcgtgaa	ctcggttcca	attcagccgc	2220
cattgtgggt	tcccccggtg	gttcttggtc	gaaatgggga	gctacaaatg	ggaaaccaga	2280
ctgggctggt	agtgcagatg	aactaggtaa	gcttcgcagg	tctaattcat	ttgagcttgg	2340
gaacaatggt	gaggagccag	atctttcatg	ggttcaatcc	ctcgttaaag	aatctcctac	2400
cgagatgaaa	gaaaagcttt	cgtaactctc	ctctgggtgtt	ccagcccccg	ctacatccag	2460
tgaggttccg	agtatcagct	cgcagatgga	atcggttgat	cacgaagtgc	taggagcatg	2520
gctccagcag	atgcagctcg	atccgctcgt	ggctcagcaa	aactaggttg	ttttttttcc	2580
tacatggcct	tgaggaagta	gacagcggaa	agtttttttt	ggtaaatact	atgttttttc	2640
tggaaatttt	tgatgctggg	gggtgggtct	ggaagaagat	aacaaggcag	gaaaggggtc	2700
agtgaagtca	ctggagaaaa	ggaattcatt	tttaaccatt	ttatcattct	attacaacag	2760
aaagttaggga	aaaaaaagga	agaccctctg	ggttatgaag	agaaattaaa	cccaggctag	2820
gcttctcct	ttctaataat	tccaatttta	ggctcatatt	actgtcattt	cctttttgcc	2880
gtcttatcat	atttcatcaa	aatggaactg	gggactaatg	tttgttccat	tctttcgtct	2940
ttctgattta	tttgcacctt	tggggtaaga	tcaaaagaga	aattatgatc	attttctttt	3000
gaggatattt	ttttttccca	atatttctga	gaatgaaagt	taagagggga	tatgatgtgt	3060
ctggtgttgt	agtatgaaaa	accaataacc	gagttcacct	gttgctgctg	gtggtagaag	3120
aagtggagaa	gaagctatga	tcctttgatg	taacagtcaa	tcaaacattt	taataccttt	3180
attttttgtt	tctcctatga	atccatcctt	tgtgattgtc	ctctctctct	ctctctctct	3240
ctctctctcc	ctccccgtgt	tctttcttca	taagcgtctt	gcttgtcgat	ctgtaaatta	3300
ttgaaaaggg	tcattggaaag	ccgtgcccgtt	gtggattctc	atttttgcaa	aaaaaaaaaa	3360
aaaaaaaaaa	aa					3372

<210> 11  
 <211> 704  
 <212> PRT

ES 2 558 133 T3

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 11

Met	Ser	Gln	Leu	Thr	Ile	Gln	Thr	Glu	Asp	Thr	Phe	Ala	Ser	Leu	Leu
1				5					10					15	
Glu	Leu	Ala	Ala	Asn	Asn	Asp	Thr	Glu	Ser	Phe	Gly	Arg	Cys	Val	Glu
			20					25					30		
Arg	Asp	Pro	Ser	Ser	Ile	Asp	Glu	Ile	Gly	Tyr	Trp	Tyr	Gly	Arg	Gln
		35					40					45			

5

ES 2 558 133 T3

Lys Gly Ser Lys Gln Val Val Asn Met Gln Arg Thr Pro Leu Met Val  
 50 55 60  
 Ala Ala Thr Tyr Gly Ser Val Asp Val Met Arg Leu Ile Leu Cys Leu  
 65 70 75 80  
 Ser Asp Ala Asp Val Asn Arg Thr Cys Ser Thr Asp Lys Ser Thr Ala  
 85 90 95  
 Leu His Cys Ala Ala Ser Gly Gly Ala Val Asn Ala Val Asp Ala Val  
 100 105 110  
 Arg Leu Leu Leu Ser Ala Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ala Asp Ala Asn  
 115 120 125  
 Gly Gln Arg Pro Val Asp Val Ile Val Val Pro Pro Lys Leu Leu Ser  
 130 135 140  
 Ile Lys Phe Ala Leu Glu Glu Leu Leu Ser Thr Glu Gly Ser Val Asn  
 145 150 155 160  
 Glu His Asn Leu Arg Val Ser Val Ala Thr Ser Asn Ser Thr Ser Pro  
 165 170 175  
 Pro Leu Ser Ser Ser Pro Asp Asn Gly Ser Pro Ala Ser Ala Asn Cys  
 180 185 190  
 Ser Ser Pro Lys Asn Ser Lys Leu Ser Asp Ala Pro Val Leu Tyr Ala  
 195 200 205  
 Ser Glu Lys Lys Glu Tyr Pro Val Asp Pro Ser Leu Pro Asp Ile Lys  
 210 215 220  
 Asn Ser Ile Tyr Ser Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val  
 225 230 235 240  
 Arg Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe  
 245 250 255  
 Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Phe His  
 260 265 270  
 Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Asp Phe Arg Lys Gly Ala Cys Arg Arg  
 275 280 285  
 Gly Asp Met Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His  
 290 295 300  
 Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr Ser Cys Ala  
 305 310 315 320  
 Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala His Thr Glu Gln Glu Leu Arg Pro Leu  
 325 330 335  
 Tyr Val Ser Thr Gly Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ser Ser Thr Ser  
 340 345 350  
 Gly Ala Ala Ala Met Asp Phe Ala Ala Ala Met Ser Leu Leu Pro Gly  
 355 360 365  
 Ser Pro Ser Ser Val Ser Ile Met Ser Pro Ser Pro Phe Thr Pro Pro  
 370 375 380  
 Met Ser Pro Ser Ala Asn Gly Ile Ser His Pro Ser Val Ala Trp Pro  
 385 390 395 400  
 Gln Gln Asn Val Pro Thr Leu His Leu Pro Gly Ser Asn Leu Gln Ser  
 405 410 415  
 Ser Arg Leu Arg Ser Ser Leu Asn Ala Arg Asp Ile Pro Gln Glu Asp  
 420 425 430  
 Phe Asp Leu Leu Ser Asp Tyr Asp Val Gln Gln Gln Gln Leu Leu Asn  
 435 440 445  
 Glu Phe Ser Ile Leu Ser Gln Gln Ser Met Gly Ala Asn Ser Leu Asn  
 450 455 460  
 Arg Ser Gly Arg Leu Lys Thr Leu Thr Pro Ser Asn Leu Asp Asp Leu  
 465 470 475 480  
 Phe Ser Ala Glu Ser Ser Ser Pro Arg Tyr Ala Asp Gln Ala Leu Ala  
 485 490 495  
 Ser Ala Val Phe Ser Pro Thr His Lys Ser Ala Val Ile Asn Gln Phe  
 500 505 510  
 Gln Gln Gln Gln Gln Ser Met Leu Ser Pro Ile Asn Thr Thr Phe Ser



ES 2 558 133 T3

		515					520					525			
Pro	Lys	Ser	Val	Asp	His	Pro	Leu	Leu	Gln	Ala	Ser	Phe	Gly	Val	Gln
	530						535					540			
Ser	Gly	Arg	Met	Ser	Pro	Arg	Asn	Met	Asp	Pro	Ile	Ser	Pro	Ile	Ser
545						550				555					560
Ser	Arg	Val	Ser	Met	Leu	Ala	Gln	Arg	Glu	Lys	Gln	Gln	Gln	Gln	Leu
				565					570					575	
Arg	Ser	Leu	Ser	Ser	Arg	Glu	Leu	Gly	Ser	Asn	Ser	Ala	Ala	Ile	Val
			580					585					590		
Gly	Ser	Pro	Val	Gly	Ser	Trp	Ser	Lys	Trp	Gly	Ala	Thr	Asn	Gly	Lys
		595					600						605		
Pro	Asp	Trp	Ala	Val	Ser	Ala	Asp	Glu	Leu	Gly	Lys	Leu	Arg	Arg	Ser
	610						615					620			
Asn	Ser	Phe	Glu	Leu	Gly	Asn	Asn	Gly	Glu	Glu	Pro	Asp	Leu	Ser	Trp
625					630							635			640
Val	Gln	Ser	Leu	Val	Lys	Glu	Ser	Pro	Thr	Glu	Met	Lys	Glu	Lys	Leu
				645					650					655	
Ser	Ser	Thr	Leu	Ser	Gly	Val	Pro	Ala	Pro	Ala	Thr	Ser	Ser	Glu	Val
				660				665						670	
Pro	Ser	Ile	Ser	Ser	Gln	Met	Glu	Ser	Val	Asp	His	Glu	Val	Leu	Gly
		675					680						685		
Ala	Trp	Leu	Gln	Gln	Met	Gln	Leu	Asp	Pro	Leu	Val	Ala	Gln	Gln	Asn
	690					695					700				

- <210> 12
- <211> 1860
- <212> ADN
- <213> *Oryza sativa*
  
- <400> 12

5

ES 2 558 133 T3

atgggggagc	ctggggggcgc	cgaggcgggcc	gtctccgcga	ggctgctcga	gctggcgggcc	60
gacgacaacg	cgggcggggct	cggggagctc	ctcgcgggcgt	ggccctccct	cgccgacgag	120
cccgcgcctg	ggtacacccc	ggcgcggggc	gcgagccgc	tgaccccgcct	catggtcgcc	180
gccgtgtacg	gctcgggtggg	ctgcctcgac	gcctcctct	cgccgcccta	cctcgtggac	240
cccaaccgcg	cctcggcgtc	gtcgctctcc	accccgctcc	acctcgccgc	cgcgggcggg	300
tccgcctccg	cccccgggc	ggtctccgc	ctcctcgccg	ccggcgccga	cccggccctc	360
ctcgaccacc	tccagcgccg	ggcgtecgac	ctcgtecggc	tcccgcccaa	ctcgctcccg	420
ctcaagaacc	acctcctctc	cctcctcggc	gcccgcgaag	agtggcctcc	cgacccctcc	480
ctccccgaca	tcaagaacgg	cgctacgcc	tccgacgact	tcaggatgta	ctcgttcaag	540
gtgcgcgctg	gctcggggc	ctactcccat	gactggacgg	agtgccectt	cgccacccc	600
ggcgagaacg	cgcgcgggcg	cgacccgagg	aagtaccact	acagctgctg	gcccgtgccc	660
gagttcaaga	agggggcccg	gtgcaggaga	ggggacatgt	gcgagtacgc	gcacgggggtg	720
ttcgagagct	ggctccaccc	ggcgagtag	cggacgcgc	tctgcaagga	cgcgctcggc	780
tgcgcccgc	gcgtctgctt	cttcgcccac	acgcccgaag	agctccgcc	gctctacgtc	840
tccacgggct	ccgcctgccc	gtcgccgcgc	ggggcggttg	agatggcggc	ggcgcgggcg	900
gcgatgggga	tggggctgtc	gtcgccgggg	tcgtcgtcgt	tcacgcgcgc	gctatcgccg	960
tccgcccggc	ggggcggggg	cgggggcggg	ggcagcgggc	gcccggggcg	gtggcccgag	1020
cagccgagcg	tgccggcgct	ctgcctgccc	gggagcgccg	ggaacctcca	cctgagccgg	1080
ctgcgcacgt	cgctgagcgc	gcgcgacatg	gccgtcgacg	agctgctcgc	cgcgcgggcg	1140
gcgcgggcg	actacgacgg	cctcgtcgc	tccccgcct	ccatccggtc	cgcgaggggg	1200
aaggcgcttg	tgccgtcaaa	tctcgacgag	ctcttctccg	ctgagctcgc	cgccgcgcgc	1260
gcgtcgcgct	cgccgcgcta	cgccgaccaa	ggcgggcgcc	cgttctcccc	gaccgcgaag	1320
gccaccgtgc	tcaaccaatt	ccagctgcag	cagcagcata	gcttgctctc	gcccggggcg	1380
gcccgggtga	caccagagcc	ggtctcccca	atgagctccc	gcctcctcgc	cgcgctggcg	1440
cagcgggaga	agatgcagca	gcagacgctg	cggagcatga	gctcacggga	cctcggcaac	1500
gcccgcctgc	tgctggctcg	ctcgccggtg	agctcgagca	tgtccaaatg	ggggttcccc	1560
tccggcaacc	cggaactggg	cgccgacgac	gaggagctcg	gcccgcctcaa	gcgttgctcc	1620
tcgttcgagc	tccggtccgg	agccgccaat	ggcaaccatg	agcctgacct	ctcatgggtc	1680
aacaccctag	tgaaggagcc	gacaccggag	aagatgatga	cgacgacatc	ggcaatggat	1740
tccattggca	tcttgggaca	gaacacaagc	cgatgatcaca	tcgtcggagg	cgaggatgac	1800
actgcccggag	tcatcagcag	ctggctttaa	cagctccagc	tcgatgagat	ggttgtctag	1860

<210> 13  
 <211> 619  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 13

ES 2 558 133 T3

Met Gly Glu Pro Gly Gly Ala Glu Ala Ala Val Ser Ala Arg Leu Leu  
1 5 10 15  
Glu Leu Ala Ala Asp Asp Asn Ala Ala Gly Leu Gly Glu Leu Leu Ala  
20 25 30  
Ala Trp Pro Ser Leu Ala Asp Glu Pro Ala Pro Trp Tyr Thr Pro Ala  
35 40 45  
Arg Gly Ala Glu Pro Leu Thr Pro Leu Met Val Ala Ala Val Tyr Gly  
50 55 60  
Ser Val Gly Cys Leu Asp Ala Leu Leu Ser Pro Pro Tyr Leu Val Asp  
65 70 75 80  
Pro Asn Arg Ala Ser Ala Ser Ser Leu Ser Thr Pro Leu His Leu Ala  
85 90 95  
Ala Ala Gly Gly Ser Ala Ser Ala Pro Ala Ala Val Ser Arg Leu Leu  
100 105 110  
Ala Ala Gly Ala Asp Pro Ala Leu Leu Asp His Leu Gln Arg Arg Ala  
115 120 125  
Ser Asp Leu Val Ala Leu Pro Pro Asn Ser Leu Pro Leu Lys Asn His  
130 135 140  
Leu Leu Ser Leu Leu Gly Ala Arg Lys Glu Trp Pro Pro Asp Pro Ser  
145 150 155 160  
Leu Pro Asp Ile Lys Asn Gly Ala Tyr Ala Ser Asp Asp Phe Arg Met  
165 170 175  
Tyr Ser Phe Lys Val Arg Ala Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp  
180 185 190  
Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp  
195 200 205  
Pro Arg Lys Tyr His Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Glu Phe Lys Lys  
210 215 220  
Gly Ala Gly Cys Arg Arg Gly Asp Met Cys Glu Tyr Ala His Gly Val  
225 230 235 240  
Phe Glu Ser Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys  
245 250 255  
Asp Gly Val Gly Cys Ala Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala His Thr Pro  
260 265 270  
Asp Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Val Ser Thr Gly Ser Ala Val Pro Ser  
275 280 285  
Pro Arg Gly Ala Leu Glu Met Ala Ala Ala Ala Ala Met Gly Met  
290 295 300  
Gly Leu Ser Ser Pro Gly Ser Ser Ser Phe Thr Pro Pro Leu Ser Pro  
305 310 315 320  
Ser Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly  
325 330 335  
Ala Trp Pro Gln Gln Pro Ser Val Pro Ala Leu Cys Leu Pro Gly Ser  
340 345 350  
Ala Gly Asn Leu His Leu Ser Arg Leu Arg Thr Ser Leu Ser Ala Arg  
355 360 365  
Asp Met Ala Val Asp Glu Leu Leu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Asp  
370 375 380  
Tyr Asp Gly Leu Val Ala Ser Pro Ala Ser Ile Arg Ser Ala Arg Gly  
385 390 395 400

Lys Ala Leu Val Pro Ser Asn Leu Asp Glu Leu Phe Ser Ala Glu Leu  
 405 410 415  
 Ala Ala Ala Ala Ser Arg Ser Pro Arg Tyr Ala Asp Gln Gly Gly  
 420 425 430  
 Ala Ala Phe Ser Pro Thr Arg Lys Ala Thr Val Leu Asn Gln Phe Gln  
 435 440 445  
 Leu Gln Gln Gln His Ser Leu Leu Ser Pro Arg Ala Ala Ala Val Thr  
 450 455 460  
 Pro Glu Pro Val Ser Pro Met Ser Ser Arg Leu Leu Ala Ala Leu Ala  
 465 470 475 480  
 Gln Arg Glu Lys Met Gln Gln Gln Thr Leu Arg Ser Met Ser Ser Arg  
 485 490 495  
 Asp Leu Gly Asn Ala Ala Ser Leu Leu Val Gly Ser Pro Val Ser Ser  
 500 505 510  
 Ser Met Ser Lys Trp Gly Phe Pro Ser Gly Asn Pro Asp Trp Gly Ala  
 515 520 525  
 Asp Asp Glu Glu Leu Gly Arg Leu Lys Arg Cys Ser Ser Phe Glu Leu  
 530 535 540  
 Arg Ser Gly Ala Ala Asn Gly Asn His Glu Pro Asp Leu Ser Trp Val  
 545 550 555 560  
 Asn Thr Leu Val Lys Glu Pro Thr Pro Glu Lys Met Met Thr Thr Thr  
 565 570 575  
 Ser Ala Met Asp Ser Ile Gly Ile Leu Gly Gln Asn Thr Ser Arg Asp  
 580 585 590  
 His Ile Val Gly Gly Glu Asp Asp Thr Ala Gly Val Ile Ser Ser Trp  
 595 600 605  
 Leu Glu Gln Leu Gln Leu Asp Glu Met Val Val  
 610 615

<210> 14  
 <211> 2106  
 <212> ADN  
 <213> *Medicago truncatula*

5

<400> 14

ES 2 558 133 T3

```

atgaaaaatc taactgttcg tactgatgat tctttttcca gcttacttga acatgcttct      60
aacaatgatt ttgaagattt caaggtagct ctagatagtg atgcttcaact tattaatgaa      120
gttggcttct ggtatgtcog tcaaaagggg tctaaccaa ttgttcttga gcaccgaacc      180
cctttaatgg tggctgcttc ctatgggagt attgatattc taaagcttat actctcatat      240
cccgaggctg atgttaattt ctctgtgga actgataaaa gcactgctct tcaactgtgct      300
gcctcaagtg gttcagttaa tgctgttgat gctataaaat tgcttttate agctgggtgct      360
gatatcaatt ctgtggatgc taatgggaaa cgccctgtgg atgttatcgt tgttcctatt      420
gttgttctctc ataagctoga aggtgttaaa acaattcttg aagaacttct ctacagacagt      480
gcttctgaag gatctgtgga tgattgctct ctccccctgt ctcttatttc atcagagtcc      540
ggttcatctg cccctttatc atctgctgaa aatggatctc catcctctcc tgtggctccc      600
aagtttacag atacagctgt taattctaca tcagaaaaga aagagtatcc agttgaccca      660
tctcttctcg acataaaaaa cagcatgtat gccacagatg aattccgcat gtattcattc      720
aaggttcgtc cttgttctcg tgcatactct catgattgga ctgagtgtcc ttttgtgcat      780
cctggagaga atgctcgaag gagagacct agaaagtttc actacagctg tgtgccatgc      840
cctgatttta ggaaaggggc ttgccgacgt tcggatatgt gtgaatatgc tcatggagta      900
ttcgagtgtc ggctacaccc agctcagtat cggacaaggc tgtgcaaaga cggtatgggt      960
tgtaaccgaa ggggtgtgctt ctctgctcac tcacctgaag agctgcgtcc gctgtatgtg     1020
tccactggtt ctgctgttcc ttcaccccga tcagctgctt ctactgctaa tgtcatggac     1080
atggtgctcg ctatgagcct tttccctggg tcaccatcat caatctcttt gatgtctcaa     1140
tcaccccttg cacagcctcc tctatctcca tctgcaaatg gcaataatgc ttggccacag     1200
cccaatgtgc cagctcttca tttaccagga agcattaatc aaactagctg tttgagatct     1260
tctcttagtg cccgtgatat gccacacgac gacttcaaca atatgttgca agactttgat     1320
gggcagcagc agatactaaa tgacttgagc tgtttctcac agccccgtcc tgggtgctatt     1380
tcagttggtc gatctggccg ccctaaaaca ctaactcctc caaatctgga tgatcttttt     1440

```

```

tgtgctgaga ttgcttcate tctaggtat tccgaccccg ctgcggcttc tgtattttcc      1500
ccaacacaca aatctgctgt ctccaaccag tttcaacagc ttcaaagctc cttatcacc      1560
atcaacacaa atgtcatgtc tctacaaac gtagagcadc ccctgttcca ccaggcttca      1620
tatggctctc cttctctcgg aaggatgtca ccaagaagta tggaaagccct atctccaatg      1680
agttctcggc tgtcagcttt tgctcagcgt gagaacaac agcagcagca gcaacagctg      1740
cgtagcctca gctcaagaga actcgggtgt aacaatcctc tctcagctgt tgggtcccct      1800
gttaactcct ggtccaagtg gggatcatcc cctattggaa aagctgattg gtcggtaaat      1860
ccaaatgact tcgggtcaaac acagagatca acttcttttg agcatggaaa caatggagaa      1920
gagcctgatg taggttgggt ccattccctt gtcaggatc gcacacctga gaagaaagag      1980
aagcttgacg gttccggccc aattccatcc gttgaaaaga atcccaatcc tcaagcggac      2040
ggcattgatc actctgtttt gggagcttgg ctcgagcaac tgcagctgga tcaacttgta      2100
gtctag                                           2106

```

<210> 15  
 <211> 701  
 <212> PRT  
 <213> *Medicago truncatula*

5

<400> 15

ES 2 558 133 T3

Met	Lys	Asn	Leu	Thr	Val	Arg	Thr	Asp	Asp	Ser	Phe	Ser	Ser	Leu	Leu
1				5					10					15	
Glu	His	Ala	Ser	Asn	Asn	Asp	Phe	Glu	Asp	Phe	Lys	Val	Ala	Leu	Asp
			20					25					30		
Ser	Asp	Ala	Ser	Leu	Ile	Asn	Glu	Val	Gly	Phe	Trp	Tyr	Val	Arg	Gln
		35					40					45			
Lys	Gly	Ser	Asn	Gln	Ile	Val	Leu	Glu	His	Arg	Thr	Pro	Leu	Met	Val
	50					55					60				
Ala	Ala	Ser	Tyr	Gly	Ser	Ile	Asp	Ile	Leu	Lys	Leu	Ile	Leu	Ser	Tyr
65						70				75					80
Pro	Glu	Ala	Asp	Val	Asn	Phe	Ser	Cys	Gly	Thr	Asp	Lys	Ser	Thr	Ala
				85					90					95	
Leu	His	Cys	Ala	Ala	Ser	Ser	Gly	Ser	Val	Asn	Ala	Val	Asp	Ala	Ile
			100					105					110		
Lys	Leu	Leu	Leu	Ser	Ala	Gly	Ala	Asp	Ile	Asn	Ser	Val	Asp	Ala	Asn
		115					120					125			
Gly	Lys	Arg	Pro	Val	Asp	Val	Ile	Val	Val	Pro	Ile	Val	Val	Pro	His
	130					135					140				
Lys	Leu	Glu	Gly	Val	Lys	Thr	Ile	Leu	Glu	Glu	Leu	Leu	Ser	Asp	Ser
145					150					155					160
Ala	Ser	Glu	Gly	Ser	Val	Asp	Asp	Cys	Ser	Leu	Pro	Leu	Ser	Leu	Ile
				165					170					175	
Ser	Ser	Ser	Pro	Gly	Ser	Ser	Ala	Pro	Leu	Ser	Ser	Ala	Glu	Asn	Gly
			180					185					190		
Ser	Pro	Ser	Ser	Pro	Val	Ala	Pro	Lys	Phe	Thr	Asp	Thr	Ala	Val	Asn
		195					200					205			
Ser	Thr	Ser	Glu	Lys	Lys	Glu	Tyr	Pro	Val	Asp	Pro	Ser	Leu	Pro	Asp
	210					215					220				
Ile	Lys	Asn	Ser	Met	Tyr	Ala	Thr	Asp	Glu	Phe	Arg	Met	Tyr	Ser	Phe
225					230					235					240
Lys	Val	Arg	Pro	Cys	Ser	Arg	Ala	Tyr	Ser	His	Asp	Trp	Thr	Glu	Cys
				245					250					255	
Pro	Phe	Val	His	Pro	Gly	Glu	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Asp	Pro	Arg	Lys
			260					265					270		
Phe	His	Tyr	Ser	Cys	Val	Pro	Cys	Pro	Asp	Phe	Arg	Lys	Gly	Ala	Cys
		275					280					285			
Arg	Arg	Ser	Asp	Met	Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly	Val	Phe	Glu	Cys	Trp
	290					295					300				
Leu	His	Pro	Ala	Gln	Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys	Asp	Gly	Met	Gly
305					310					315					320

Cys Asn Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala His Ser Pro Glu Glu Leu Arg  
 325 330 335  
 Pro Leu Tyr Val Ser Thr Gly Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ser Ala  
 340 345 350  
 Ala Ser Thr Ala Asn Val Met Asp Met Ala Ala Ala Met Ser Leu Phe  
 355 360 365  
 Pro Gly Ser Pro Ser Ser Ile Ser Leu Met Ser Gln Ser Pro Phe Ala  
 370 375 380  
 Gln Pro Pro Leu Ser Pro Ser Ala Asn Gly Asn Asn Ala Trp Pro Gln  
 385 390 395 400  
 Pro Asn Val Pro Ala Leu His Leu Pro Gly Ser Ile Asn Gln Thr Ser  
 405 410 415  
 Arg Leu Arg Ser Ser Leu Ser Ala Arg Asp Met Pro His Asp Asp Phe  
 420 425 430  
 Asn Asn Met Leu Gln Asp Phe Asp Gly Gln Gln Gln Ile Leu Asn Asp  
 435 440 445  
 Leu Ser Cys Phe Ser Gln Pro Arg Pro Gly Ala Ile Ser Val Gly Arg  
 450 455 460  
 Ser Gly Arg Pro Lys Thr Leu Thr Pro Ser Asn Leu Asp Asp Leu Phe  
 465 470 475 480  
 Cys Ala Glu Ile Ala Ser Ser Pro Arg Tyr Ser Asp Pro Ala Ala Ala  
 485 490 495  
 Ser Val Phe Ser Pro Thr His Lys Ser Ala Val Phe Asn Gln Phe Gln  
 500 505 510  
 Gln Leu Gln Ser Ser Leu Ser Pro Ile Asn Thr Asn Val Met Ser Pro  
 515 520 525  
 Thr Asn Val Glu His Pro Leu Phe His Gln Ala Ser Tyr Gly Leu Ser  
 530 535 540  
 Ser Pro Gly Arg Met Ser Pro Arg Ser Met Glu Ala Leu Ser Pro Met  
 545 550 555 560  
 Ser Ser Arg Leu Ser Ala Phe Ala Gln Arg Glu Lys Gln Gln Gln Gln  
 565 570 575  
 Gln Gln Gln Leu Arg Ser Leu Ser Ser Arg Glu Leu Gly Ala Asn Asn  
 580 585 590  
 Pro Leu Ser Ala Val Gly Ser Pro Val Asn Ser Trp Ser Lys Trp Gly  
 595 600 605  
 Ser Ser Pro Ile Gly Lys Ala Asp Trp Ser Val Asn Pro Asn Asp Phe  
 610 615 620  
 Gly Gln Thr Gln Arg Ser Thr Ser Phe Glu His Gly Asn Asn Gly Glu  
 625 630 635 640  
 Glu Pro Asp Val Gly Trp Val His Ser Leu Val Lys Asp Pro Thr Pro  
 645 650 655  
 Glu Lys Lys Glu Lys Leu Ala Gly Ser Gly Pro Ile Pro Ser Val Glu  
 660 665 670  
 Lys Asn Pro Asn Pro Gln Ala Asp Gly Ile Asp His Ser Val Leu Gly  
 675 680 685  
 Ala Trp Leu Glu Gln Leu Gln Leu Asp Gln Leu Val Val  
 690 695 700

<210> 16  
 <211> 2841  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*  
  
 <400> 16

5

ES 2 558 133 T3

atgaacggca	cgccgatctc	cgcgctccgcc	gcggccggcg	tcgacggagt	cggcgcggcg	60
gtggcgctgg	cgggccgcgac	caagaagagt	gcccgcgcgg	cggcgcgcgt	cgccgagatg	120
gcgaaaacc	tcaccgctcga	cacggacgac	gccttcgcgg	ggctcctcga	gctcgcgcgg	180
gacgacgacg	cggagggcct	gcgcgcgcgg	ctggagcgcg	ccccgcccgc	cgccgcggac	240
gaggcgggcc	tctggtaagg	ccgcgcgaag	gtcctcgagc	accgcaagcc	gctgatggtc	300
gcggccacct	atggcagcct	cgcggtgctt	cgctctctgc	tgtccctccc	gtccgtcgat	360
gtcaatcgcc	gctgtggctc	cgacggcacc	accgcctccc	actgtgcggc	gtctggtggc	420
tcgccgtctt	gtgtggaggc	cgtcaagctg	ctgcttgctg	ctggggctga	tgctgatgcc	480
acggatgctt	ccggatatcg	tccagctgat	gtgatctctg	ttcctccaaa	gatgtttgac	540
gccaagattg	ccttccaaga	tcttcttggg	tgcccaaagg	ctgggcatgg	cgttctccgg	600
gtggtgacaa	gggcgcgaaa	ctctatggtg	tcacctgat	catcccctac	agcagaagat	660
gcacgatctc	catcagctgc	tgtgatgatg	acgacaaagt	ttgcagatct	tccaagggtt	720
gtgacatcgg	aaaagaaaga	atatccagtg	gatccgtccc	ttcccgatat	caagaacagc	780
atctatgctt	ccgatgagtt	ccgcatgtac	tcatttaaga	tcaggccatg	ctcgcgggcg	840
tactcacatg	attggactga	gtgcccgttt	gttcaaccag	gggagaacgc	acggcgctcg	900
gaccctcgca	agtatcacta	cagctgtgtg	ccatgccccg	actttagaaa	gggagtttgc	960
cggcgtggtg	acatgtgtga	atatgctcat	ggcgtgttcg	agtgttggtc	ccatccagca	1020
cagtaccgta	ctcgcctttg	caaggatggc	acaagctgta	atcgcctgtg	ctgtttcttt	1080
gcgcatacaa	ctgatgagct	ccgaccacta	tatgtttcca	ctggatctgc	agtaccatcc	1140
ccaagagcct	cggcaacagc	tacaatggag	atggctgcag	caatgggctt	gatgcctggt	1200
tctccatcat	cagtttcagc	agtcatgtcc	ccatttacac	caccaatgtc	cccttcaggc	1260
aatgggatgc	ccccttcatt	gggctggcag	cagccaaatg	ttccgacact	acaccttcca	1320
ggcagcagcc	ttcagtcgag	ccggtcccg	acctactta	gtgcaagggg	tatgcctgct	1380
gatgattacc	ccctgatgca	ggatattgat	tcacagctta	taaagattt	gtgctattca	1440
cgtattgggt	catcaacagg	aaaccacagc	tcctggacca	agtcctctaa	tcctgcaaac	1500
ttggatgata	tcttctctgc	tgagatggtc	tcttccccga	ggtatagtaa	tgctgatcag	1560
ggtggtatgt	tttcaccatc	tcacaaggct	gctttcctta	atcagttcca	gcaacagcag	1620
caggcacttc	tttcaccaat	caacacagtc	ttctccccga	agtctgtgga	caaccagcag	1680
ttgccttcac	actcatctct	gttgcaagca	tcacttggtg	tatcctcccc	tgccgcgatg	1740
tctcctcgat	gtgttgaatc	tgggtccccc	atgaactctc	atcttgctgc	tgctcttgc	1800
cagcgtgaga	agcaacagca	gacaatgaga	agtctcagtt	ctcgtgatct	tgggcccag	1860
gctgcaagag	catcaggtgt	tgttggctcc	cctctaagct	catcatggtc	aaagtgggga	1920
tcaccttcag	ggacacctga	ctggggtggt	aatgggtgaag	aatgggcaa	gcttcgccc	1980
tcacatcctg	ttgagctgag	atctggtggt	gatgatccag	atctctcttg	ggtacacaca	2040
ctggttaagg	aatctccacc	agagaagcaa	gtcactactg	ctgaatccat	aaactctggt	2100
ggaccttcac	cactgatgcc	tcccagtgta	agcaacgggtg	aaggctctag	tctgaaatgcc	2160
ccgctggatg	ggcatgacca	agctgctggt	attggagcat	tgcttgaaca	gatgcagctt	2220
gatcagcata	ttggtagtct	agcaacataa	gcgctgaatg	agcctggaaa	gtgcaaggag	2280
ttattattct	tagttaatga	atltggagta	atltttttcc	tgttcattaa	gatggtcagc	2340
aagcaaaagg	atggatagct	gatggtggtg	atlcagagat	tggttttctt	tactttattg	2400
aggtaaataca	tatacattat	tgaggttcca	gtaggttgaa	agattgaagt	accttgattg	2460
gggtcgtttc	aagaccgacc	caggtagaat	cgcaccccgg	cagcttcaat	tcatcgggtca	2520
aaaatatttc	cctgttttgt	taattaaccc	cgtaaaaaaa	gaagactcgt	ttgggtgtttc	2580
ggaattcttt	tctttacctt	agcgggtggtt	atltttgttt	ttatgatatt	gatacttgat	2640
gtactgatgg	gtataagggt	ggttaccagg	catgctatag	tggtatatca	agtcccaaag	2700
tattcttttt	ctccctttca	ccatttgtcg	aggatcatac	tatggccttg	ttttgggtcag	2760
atcttgaggc	ctgtataatc	cttggatttg	taataatgta	atattgtcat	tgaacttaca	2820
ttgctattgt	tttgcfaatc	c				2841

<210> 17  
 <211> 749  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 17



ES 2 558 133 T3

Met	Asn	Gly	Thr	Pro	Ile	Ser	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	Gly	Val	Asp	Gly
1				5					10					15	
Val	Gly	Ala	Ala	Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Ala	Thr	Lys	Lys	Ser	Ala	Ala
			20					25					30		
Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Glu	Met	Ala	Lys	Thr	Leu	Thr	Val	Asp	Thr
		35					40					45			
Asp	Asp	Ala	Phe	Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Leu	Ala	Ala	Asp	Asp	Asp	Ala
	50					55					60				

ES 2 558 133 T3

Glu Gly Leu Arg Arg Ala Leu Glu Arg Ala Pro Pro Ala Ala Ala Asp  
 65 70 75 80  
 Glu Ala Gly Leu Trp Tyr Gly Arg Arg Lys Val Leu Glu His Arg Thr  
 85 90 95  
 Pro Leu Met Val Ala Ala Thr Tyr Gly Ser Leu Ala Val Leu Arg Leu  
 100 105 110  
 Leu Leu Ser Leu Pro Ser Val Asp Val Asn Arg Arg Cys Gly Ser Asp  
 115 120 125  
 Gly Thr Thr Ala Leu His Cys Ala Ala Ser Gly Gly Ser Pro Ser Cys  
 130 135 140  
 Val Glu Ala Val Lys Leu Leu Leu Ala Ala Gly Ala Asp Ala Asp Ala  
 145 150 155 160  
 Thr Asp Ala Ser Gly Tyr Arg Pro Ala Asp Val Ile Ser Val Pro Pro  
 165 170 175  
 Lys Met Phe Asp Ala Lys Ile Ala Leu Gln Asp Leu Leu Gly Cys Pro  
 180 185 190  
 Lys Ala Gly His Gly Val Leu Arg Val Val Thr Arg Ala Ala Asn Ser  
 195 200 205  
 Met Leu Ser Pro Val Ser Ser Pro Thr Ala Glu Asp Ala Arg Ser Pro  
 210 215 220  
 Ser Ala Ala Val Met Met Thr Thr Lys Phe Ala Asp Leu Pro Arg Val  
 225 230 235 240  
 Val Thr Ser Glu Lys Lys Glu Tyr Pro Val Asp Pro Ser Leu Pro Asp  
 245 250 255  
 Ile Lys Asn Ser Ile Tyr Ala Ser Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe  
 260 265 270  
 Lys Ile Arg Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys  
 275 280 285  
 Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys  
 290 295 300  
 Tyr His Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Asp Phe Arg Lys Gly Val Cys  
 305 310 315 320  
 Arg Arg Gly Asp Met Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp  
 325 330 335  
 Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr Ser  
 340 345 350  
 Cys Asn Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala His Thr Thr Asp Glu Leu Arg  
 355 360 365  
 Pro Leu Tyr Val Ser Thr Gly Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ala Ser  
 370 375 380  
 Ala Thr Ala Thr Met Glu Met Ala Ala Ala Met Gly Leu Met Pro Gly  
 385 390 395 400  
 Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Val Met Ser Pro Phe Thr Pro Pro Met  
 405 410 415  
 Ser Pro Ser Gly Asn Gly Met Pro Pro Ser Leu Gly Trp Gln Gln Pro  
 420 425 430  
 Asn Val Pro Thr Leu His Leu Pro Gly Ser Ser Leu Gln Ser Ser Arg  
 435 440 445  
 Leu Arg Thr Ser Leu Ser Ala Arg Asp Met Pro Ala Asp Asp Tyr Ser  
 450 455 460  
 Leu Met Gln Asp Ile Asp Ser Gln Leu Ile Asn Asp Leu Cys Tyr Ser  
 465 470 475 480  
 Arg Ile Gly Ser Ser Thr Gly Asn His Thr Ser Arg Thr Lys Ser Leu  
 485 490 495  
 Asn Pro Ser Asn Leu Asp Asp Leu Phe Ser Ala Glu Met Val Ser Ser  
 500 505 510  
 Pro Arg Tyr Ser Asn Ala Asp Gln Gly Gly Met Phe Ser Pro Ser His  
 515 520 525  
 Lys Ala Ala Phe Leu Asn Gln Phe Gln Gln Gln Gln Gln Ala Leu Leu

ES 2 558 133 T3

530						535						540				
Ser	Pro	Ile	Asn	Thr	Val	Phe	Ser	Pro	Lys	Ser	Val	Asp	Asn	Gln	Gln	
545					550					555						560
Leu	Pro	Ser	His	Ser	Ser	Leu	Leu	Gln	Ala	Ser	Leu	Gly	Ile	Ser	Ser	
				565					570						575	
Pro	Gly	Arg	Met	Ser	Pro	Arg	Cys	Val	Glu	Ser	Gly	Ser	Pro	Met	Asn	
			580					585					590			
Ser	His	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Gln	Arg	Glu	Lys	Gln	Gln	Gln	Thr	
		595					600					605				
Met	Arg	Ser	Leu	Ser	Ser	Arg	Asp	Leu	Gly	Pro	Ser	Ala	Ala	Arg	Ala	
	610					615				620						
Ser	Gly	Val	Val	Gly	Ser	Pro	Leu	Ser	Ser	Ser	Trp	Ser	Lys	Trp	Gly	
625					630					635					640	
Ser	Pro	Ser	Gly	Thr	Pro	Asp	Trp	Gly	Val	Asn	Gly	Glu	Glu	Leu	Gly	
				645					650						655	
Lys	Leu	Arg	Arg	Ser	Ser	Ser	Phe	Glu	Leu	Arg	Ser	Gly	Gly	Asp	Asp	
			660				665						670			
Pro	Asp	Leu	Ser	Trp	Val	His	Thr	Leu	Val	Lys	Glu	Ser	Pro	Pro	Glu	
		675					680						685			
Lys	Gln	Val	Thr	Thr	Ala	Glu	Ser	Ile	Asn	Ser	Val	Gly	Pro	Ser	Pro	
	690					695					700					
Leu	Met	Pro	Pro	Ser	Val	Ser	Asn	Gly	Glu	Gly	Pro	Ser	Leu	Asn	Ala	
705					710					715					720	
Pro	Leu	Asp	Gly	His	Asp	Gln	Ala	Ala	Val	Ile	Gly	Ala	Leu	Leu	Glu	
				725					730						735	
Gln	Met	Gln	Leu	Asp	Gln	His	Ile	Gly	Ser	Leu	Ala	Thr				
			740					745								

<210> 18  
 <211> 2769  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 18

acaccagtta	ccctctcacc	cgttttogtt	ttttttttct	ctctttcaaa	aatctctcag	60
ctgaggttga	togatcttct	tcttcttctt	cctcaactctt	tagatttggt	ccttttgcat	120
tttacctttt	tggatctgaa	aatgtgggtc	tctgtttcgc	cggttaccgt	ttagattcag	180
ttctgttttt	ttcttaccog	atcgcttgat	tcggaactgtg	atctttgatc	ttttttcttc	240
tccagtgcg	tgaaggatgt	gtggtcttgc	taagaagctg	gatatagagg	atactttgac	300
atcaactgtca	gaccaagaga	atgaatcttt	ggccaaaccc	atgaatgatg	ctgctgaatg	360
ggaacattcg	ttttctgocct	tgcttgagtt	tgctgcagac	aacgatgtgg	aggggtttag	420
gcggaactc	tctgatgtgt	cttgtatcaa	ccagatgggt	ctttggtaca	gacggcagag	480
gtttgttaga	agaatggttc	ttgagcaaag	aaccccgctg	atggttgctt	cgttatatgg	540
gagtttagat	gttgtgaagt	ttattctttc	tttcccggaa	gcgaggttga	atctgtcttg	600
tggtcctgat	aaaagtactg	ctcttcattg	cgctgcttct	ggtgcttctg	tgaattcctt	660
ggatggttgc	aagtgtcttt	tgagtgtagg	agcagatcct	aatatccctg	atgctcatgg	720
aaatcgtcct	gttgatgttc	ttggtgtgtc	tccacacgct	cctggtttga	gaaccatcct	780
tgaagagatc	ttgaagaaag	acgagattat	atctgaagat	ctgcatgcct	cgctcatctag	840
cttgggatca	agtttccggg	ctctctcacc	atcccctgat	aatggttctt	cgttactctc	900
cttagattca	gtatcctctc	cgactaagcc	acacgggtact	gatgtaactt	tcgcatcaga	960
gaagaaagag	tacccaattg	atccatcatt	gocctgatatc	aaaagcggga	tttattcaac	1020
cgatgagttt	cgatggttct	cgttcaagat	ccgcccattg	tctcgagcat	attcccattga	1080
ctggactgaa	tgtccatttg	cacaccagg	tgagaatgca	aggagaagag	acccgaggaa	1140
gtttcaactat	acgtgtgttc	catgcccgga	ttttaagaaa	ggatcctgta	agcaagggtga	1200
tatgtgtgaa	tatgctcatg	gggtttttga	atgctggcta	cacccctgctc	agtacagaac	1260
acgattgtgc	aaggacggaa	tgggttgcaa	ccgaagggtt	tgcttctttg	ctcacgcaaa	1320
tgaggagttg	cgctcccttg	acccttcac	aggatctgga	ttgccatctc	ctcgggcttc	1380
gtctgctggt	tccgcctcta	ctatggacat	ggcgtcagtt	ttgaacatgt	taccaggctc	1440
accatctgct	gctcaacatt	cgttcacccc	accaatatct	ccttctggaa	atggtagtat	1500

gccccattca	tcgatgggtt	ggcctcagca	gaacataccg	gcggtgaate	ttcctggaag	1560
caatatccag	ttgagtcgtc	tgagatcttc	tcttaacgct	agagatattc	cttctgagca	1620
gcttagcatg	ctgcatgagt	ttgaaatgca	acgtcagctt	gctggcgata	tgcacagtcc	1680
acgctttatg	aatcattccg	ctcgtcctaa	gacactgaac	ccttcaaate	tggaggaact	1740
cttctcagct	gaggttgcat	ctcctcgttt	ctctgatcaa	cttgtctggt	catctgttct	1800
atcgcttcc	cacaagtccg	cgcttcttaa	tcagctgcag	aataataagc	agagcatgct	1860
ttctctate	aagacaaate	taatgtcttc	tccaaagaat	gtggagcaac	attctcttct	1920
gcagcaagcc	tcgtcacccc	gagggcgaga	gcctatttcc	ccaatgaatg	ctogaatgaa	1980
acagcagcta	cattcacgca	gcctaagctc	ccgtgatttt	ggatctagtc	tgcccogtga	2040
tttaatgocg	actgattctg	gttcgccatt	aagtccatgg	tcaagttggg	accagaccca	2100
tggaaagcaag	gtggattggt	cagtccaate	agatgagtta	ggtcggttga	gaaaatctca	2160
ttccttggtc	aataacccaa	acaggaagc	agatgtttca	tgggctcagc	agatgttaaa	2220
agactcttca	tcacctagga	acggaaaccg	tgttgtgaac	atgaatggtg	caaggccatt	2280
gactcaaggt	ggttcagagt	tgaatctca	caacagtgac	actcgtgaga	gcgacattct	2340
tgatgogtgg	cttgaacagc	tgcacctaga	tcgctgagcc	tcagctgoga	gagagaggtt	2400
cacatttctg	tgaagctgtg	aaactgatga	ttcgtttatt	tattattcaa	gaaagcaaac	2460
ggaaacaaaa	gcaaacctcg	ggtaaagctt	tttcgattct	aataacccta	aaaggctcag	2520
ttttttcagg	cttctttctg	aaatttcttt	actttcttat	ttttatcacc	tcattaaatt	2580
aattattgta	tcactctctgt	tgtaaccaatg	gccaaagtgc	gcctctatta	cttcccggat	2640
ttctgattta	cattttttgt	atcctctcag	tttgtcaatt	gtttctaata	tctccttcat	2700
atthgtcaaa	gaacactgta	tgagaaataa	taacatattg	tttcagctaa	taagattcat	2760
tcatttctc						2769

<210> 19  
 <211> 706  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 19

ES 2 558 133 T3

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

Ile Asp Pro Ser Leu Pro Asp Ile Lys Ser Gly Ile Tyr Ser Thr Asp  
 245 250 255  
 Glu Phe Arg Met Phe Ser Phe Lys Ile Arg Pro Cys Ser Arg Ala Tyr  
 260 265 270  
 Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Ala His Pro Gly Glu Asn Ala  
 275 280 285  
 Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Phe His Tyr Thr Cys Val Pro Cys Pro  
 290 295 300  
 Asp Phe Lys Lys Gly Ser Cys Lys Gln Gly Asp Met Cys Glu Tyr Ala  
 305 310 315 320  
 His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg  
 325 330 335  
 Leu Cys Lys Asp Gly Met Gly Cys Asn Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala  
 340 345 350  
 His Ala Asn Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Pro Ser Thr Gly Ser Gly  
 355 360 365  
 Leu Pro Ser Pro Arg Ala Ser Ser Ala Val Ser Ala Ser Thr Met Asp  
 370 375 380  
 Met Ala Ser Val Leu Asn Met Leu Pro Gly Ser Pro Ser Ala Ala Gln  
 385 390 395 400  
 His Ser Phe Thr Pro Pro Ile Ser Pro Ser Gly Asn Gly Ser Met Pro  
 405 410 415  
 His Ser Ser Met Gly Trp Pro Gln Gln Asn Ile Pro Ala Leu Asn Leu  
 420 425 430  
 Pro Gly Ser Asn Ile Gln Leu Ser Arg Leu Arg Ser Ser Leu Asn Ala  
 435 440 445  
 Arg Asp Ile Pro Ser Glu Gln Leu Ser Met Leu His Glu Phe Glu Met  
 450 455 460  
 Gln Arg Gln Leu Ala Gly Asp Met His Ser Pro Arg Phe Met Asn His  
 465 470 475 480  
 Ser Ala Arg Pro Lys Thr Leu Asn Pro Ser Asn Leu Glu Glu Leu Phe  
 485 490 495  
 Ser Ala Glu Val Ala Ser Pro Arg Phe Ser Asp Gln Leu Ala Val Ser  
 500 505 510  
 Ser Val Leu Ser Pro Ser His Lys Ser Ala Leu Leu Asn Gln Leu Gln  
 515 520 525  
 Asn Asn Lys Gln Ser Met Leu Ser Pro Ile Lys Thr Asn Leu Met Ser  
 530 535 540  
 Ser Pro Lys Asn Val Glu Gln His Ser Leu Leu Gln Gln Ala Ser Ser  
 545 550 555 560  
 Pro Arg Gly Gly Glu Pro Ile Ser Pro Met Asn Ala Arg Met Lys Gln  
 565 570 575  
 Gln Leu His Ser Arg Ser Leu Ser Ser Arg Asp Phe Gly Ser Ser Leu  
 580 585 590  
 Pro Arg Asp Leu Met Pro Thr Asp Ser Gly Ser Pro Leu Ser Pro Trp  
 595 600 605  
 Ser Ser Trp Asp Gln Thr His Gly Ser Lys Val Asp Trp Ser Val Gln  
 610 615 620  
 Ser Asp Glu Leu Gly Arg Leu Arg Lys Ser His Ser Leu Ala Asn Asn  
 625 630 635 640  
 Pro Asn Arg Glu Ala Asp Val Ser Trp Ala Gln Gln Met Leu Lys Asp  
 645 650 655  
 Ser Ser Ser Pro Arg Asn Gly Asn Arg Val Val Asn Met Asn Gly Ala  
 660 665 670  
 Arg Pro Leu Thr Gln Gly Gly Ser Ser Val Asn Pro His Asn Ser Asp  
 675 680 685  
 Thr Arg Glu Ser Asp Ile Leu Asp Ala Trp Leu Glu Gln Leu His Leu  
 690 695 700  
 Asp Arg

705

5 <210> 20  
 <211> 2674  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

<400> 20

tgcgagtcct	cctcctcttc	togtgcogt	gctactctcg	ctttctctct	ctctctctct	60
cacttgttcc	ccaaggcgag	aagcagccgc	cgccggcgag	cgtcgcgggg	gaggggaggg	120
aagggagggg	ggagcgggtg	atccgggctt	gattggattg	ggtcggattc	gattttggat	180
caaccccgga	gggcgggagc	ggttgctaca	gatgcgttga	gctttgggta	atctatccgg	240
cgagagataa	tgggcgagct	tgctgatctc	gttgcgtgc	cgtcgcagcc	gcccctcgcc	300
ggcggccggc	gggacaggct	ggcggcgtg	ctggagctcg	cggcggcgga	tgatgttgat	360
gggctcaggg	gggcgctcgc	ggagggaggc	gaggaggcgg	cggagtggc	tgatggggtc	420
gggctgtgg	atggtcggag	caaggcgtac	gaggcgcgca	cgccgctgat	gggtggcgcg	480
acgtacggca	gcgcgggggt	ggctctcgctg	ctgggtggcc	tcggcgggtg	cgtcgacgctc	540
aaccgtcgcc	ctggagccga	cggcgcacc	gcgctccact	gcgcgcctc	cggtggctcg	600
cgcaacgceg	tcgctgttgt	caagctgctt	ttggccgctg	gcgcgatacc	ggccaccccc	660
gattccgceg	gcccgttccc	cgccgacgctc	atcctagctc	ctccggttcc	gccagatgcc	720
cttggegatc	tegaggtgct	cctcggccgc	cgccgagcac	tcgcccgtggc	gacctcggtg	780
gcttcaggtt	cgtcatcccc	tcgctctctg	tcctcaccag	atgagggcaa	caggtcgccc	840
tcgctcgcgtt	cgctcgcgct	gtctcccac	actgtggatc	gtgggaagaa	ggagtatccg	900
gtggatccaa	ctctgcggga	catcaagagc	agcgtgtatg	cttcggatga	gttccgcatg	960
tttgcgttca	aggtccggcc	ctgctcccgt	gcctactcac	acgactggac	tgagtgcocg	1020
tttgtgcacc	ccggcgagaa	cgcccgcgc	cgatgacccc	gcaagcacc	atacactgct	1080
gtgccttgcc	ccaactttcg	ccggcctgg	ggctgcctta	gcggcgatag	ctgtgagttc	1140
tcgcatggcg	tgtttgagag	ctggctacac	ccatcacagt	atgcacaag	gctctgcaag	1200
gagggagcag	cttgccccc	tcgcatttgc	ttctttgccc	atgatgagga	tgagctccgc	1260
catgtgcctc	acaacagtgg	tgccggcctg	ctgtctcccc	gcgcttcttc	atccattgat	1320
atgactgctg	cagctgcgct	cgggcttctt	ccaggttctc	ctaccagaca	ctttgcaccg	1380
ccgcctgtgt	caccatctgc	tgggagcaat	ggaggagctg	ctgctgcgca	ttggctccaa	1440
ggcagtaggc	tgcgttcttc	tttcaatgca	agggatgctg	ctggtgatga	ccttggecatg	1500
ctcctcgaat	gggaatcaca	ataccttggg	gcactctgcc	tgccaccag	cagccgcccc	1560
caaccacgcc	tttcagctgg	tctgagtatc	aggccaacaa	ttgctccatc	caatcttgaa	1620
gacatgtatg	cttcagacat	ggcaatgctc	ccgaggttcc	ctaataacca	aggtcactca	1680
gtctactcac	cagcccacaa	atcagccctc	ctcaacaagc	ttcatcaaca	gaagggcctc	1740
ttatcacctg	ttaacaccaa	cagaatgtac	tcccgaagg	ctcttgatcc	gtcatctttg	1800
gcacattctc	catttggtgg	catgtctccc	cggctccccc	gtaccatgga	acctacatca	1860
cccctaagtg	ctcgtgtagg	agcccctgcc	acacagcggc	cttctggttg	ttcaccacgg	1920
aattccagtg	cttggggcac	cgtggggctc	ccgatgggta	aggttgactg	gggtgtcgat	1980
agcagggagc	tagtccgctt	gagacgcctt	gcacaaccag	ggtttgaga	agatgagaca	2040
gatgtatcat	gggtgcagtc	actggtaagc	aatgctgagc	ttaatggcaa	gaggggcgaa	2100
gtacaaggca	tgccctgtac	ttctgcattg	atgaacaggc	ctgacctgaa	caatcagggg	2160
gacttggtgg	accagacggt	gatcgggtgct	tggttgagc	agatgcacct	ggatcagaag	2220
tgatttccaa	gggaagccat	gaagtcccaa	agtggatgaa	gcctttattt	tgccaaggtt	2280
atttaccaaa	gaatagttgt	tggtcctagt	aaataataat	ttattctttt	taattcttga	2340
aatttttgg	gggcaaagtc	agagatgggtg	gtcaagttca	acaaaacatt	tggtcacaga	2400
ttggtagctg	aatcagttc	cagagattgg	taacaacct	cattacttgg	ggctcact	2460
agtattcttt	tgattagctc	agatgagctc	ttattttagt	gggttaaaat	tcatatgttc	2520
ccatgggta	ttatgtccat	gatctcttcc	taacaaaaga	gagattataa	ttgtccattt	2580
ttcatttatc	aatgaatgat	tttggttaaaa	caatgtaagt	tacattctta	atttttctc	2640
tgttcaatgg	aattaccttc	cttggttagt	cctc			2674

10

<210> 21  
 <211> 657  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

15

<400> 21

ES 2 558 133 T3

Met Gly Glu Leu Ala Asp Leu Val Val Val Pro Ser Gln Pro Pro Leu  
1 5 10 15  
Ala Gly Gly Arg Arg Asp Arg Leu Ala Ala Leu Leu Glu Leu Ala Ala  
20 25 30  
Ala Asp Asp Val Asp Gly Leu Arg Gly Ala Leu Ala Glu Gly Gly Glu  
35 40 45  
Glu Ala Ala Glu Leu Ala Asp Gly Val Gly Leu Trp Tyr Gly Arg Ser  
50 55 60  
Lys Ala Tyr Glu Ala Arg Thr Pro Leu Met Val Ala Ala Thr Tyr Gly  
65 70 75 80  
Ser Ala Gly Val Val Ser Leu Leu Val Gly Leu Gly Gly Cys Val Asp  
85 90 95  
Val Asn Arg Arg Pro Gly Ala Asp Gly Ala Thr Ala Leu His Cys Ala  
100 105 110  
Ala Ser Gly Gly Ser Arg Asn Ala Val Ala Val Val Lys Leu Leu Leu  
115 120 125  
Ala Ala Gly Ala Asp Pro Ala Thr Pro Asp Ser Ala Gly Arg Phe Pro  
130 135 140  
Ala Asp Val Ile Leu Ala Pro Pro Ala Ser Pro Asp Ala Leu Gly Asp  
145 150 155 160  
Leu Glu Val Leu Leu Gly Arg Arg Arg Ala Leu Ala Val Ala Thr Ser  
165 170 175  
Val Ala Ser Gly Ser Ser Ser Pro Pro Leu Ser Ser Ser Pro Asp Glu  
180 185 190  
Gly Asn Arg Ser Pro Ser Ser Arg Ser Ser Ser Leu Ser Pro Ile Thr  
195 200 205  
Val Asp Arg Gly Lys Lys Glu Tyr Pro Val Asp Pro Thr Leu Pro Asp  
210 215 220  
Ile Lys Ser Ser Val Tyr Ala Ser Asp Glu Phe Arg Met Phe Ala Phe  
225 230 235 240  
Lys Val Arg Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys  
245 250 255  
Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys  
260 265 270  
His Pro Tyr Thr Ala Val Pro Cys Pro Asn Phe Arg Arg Pro Gly Gly  
275 280 285  
Cys Pro Ser Gly Asp Ser Cys Glu Phe Ser His Gly Val Phe Glu Ser  
290 295 300  
Trp Leu His Pro Ser Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Glu Gly Ala  
305 310 315 320  
Ala Cys Ala Arg Arg Ile Cys Phe Phe Ala His Asp Glu Asp Glu Leu  
325 330 335  
Arg His Val Pro His Asn Ser Gly Ala Gly Leu Leu Ser Pro Arg Ala  
340 345 350  
Ser Ser Ser Ile Asp Met Thr Ala Ala Ala Ala Leu Gly Leu Leu Pro  
355 360 365  
Gly Ser Pro Thr Arg His Phe Ala Pro Pro Pro Val Ser Pro Ser Ala  
370 375 380  
Gly Ser Asn Gly Gly Ala Ala Ala Ala His Trp Leu Gln Gly Ser Arg  
385 390 395 400  
Leu Arg Ser Ser Phe Asn Ala Arg Asp Ala Ala Val Asp Asp Leu Gly  
405 410 415  
Met Leu Leu Glu Trp Glu Ser Gln Tyr Leu Gly Ala Leu Cys Leu Pro  
420 425 430  
Pro Ser Ser Arg Pro Gln Pro Arg Leu Ser Ala Gly Leu Ser Ile Arg  
435 440 445  
Pro Thr Ile Ala Pro Ser Asn Leu Glu Asp Met Tyr Ala Ser Asp Met  
450 455 460



ES 2 558 133 T3

Ala Met Ser Pro Arg Phe Pro Asn Asp Gln Gly His Ser Val Tyr Ser  
 465 470 475 480  
 Pro Ala His Lys Ser Ala Leu Leu Asn Lys Leu His Gln Gln Lys Gly  
 485 490 495  
 Leu Leu Ser Pro Val Asn Thr Asn Arg Met Tyr Ser Pro Arg Ala Leu  
 500 505 510  
 Asp Pro Ser Ser Leu Ala His Ser Pro Phe Gly Gly Met Ser Pro Arg  
 515 520 525  
 Ser Pro Arg Thr Met Glu Pro Thr Ser Pro Leu Ser Ala Arg Val Gly  
 530 535 540  
 Ala Pro Ala Thr Gln Arg Pro Ser Val Gly Ser Pro Arg Asn Ser Ser  
 545 550 555 560  
 Ala Trp Gly Thr Val Gly Ser Pro Met Gly Lys Val Asp Trp Gly Val  
 565 570 575  
 Asp Ser Glu Glu Leu Val Arg Leu Arg Arg Pro Ala Gln Pro Gly Phe  
 580 585 590  
 Gly Glu Asp Glu Thr Asp Val Ser Trp Val Gln Ser Leu Val Ser Asn  
 595 600 605  
 Ala Glu Leu Asn Gly Lys Arg Gly Glu Val Gln Gly Met Pro Gly Thr  
 610 615 620  
 Ser Ala Leu Met Asn Arg Pro Asp Leu Asn Asn Gln Gly Asp Leu Leu  
 625 630 635 640  
 Asp Gln Thr Val Ile Gly Ala Trp Leu Glu Gln Met His Leu Asp Gln  
 645 650 655  
 Lys

- <210> 22
- <211> 2223
- <212> ADN
- <213> *Arabidopsis thaliana*
- <400> 22

5

ES 2 558 133 T3

ttcttcaaaa	acccaacca	cttcttctcc	ccaaaaacct	ccaaagtttc	aatctttact	60
tctctctttt	tctccaagtt	atcttctttt	ctaggaagag	atatgtgctg	tgcaaagagc	120
aacctttgct	catctaaaac	cctaacagaa	gtcgaattca	tgaggcagaa	atcagaagac	180
ggagcttccg	ccacgtgtct	cctcgaattc	gccgcctgtg	atgatctttc	atcgtttaag	240
agagagatcg	aagagaatcc	atcgggtggag	attgatgagt	cagggttttg	gtattgcaga	300
cgggtcgggt	ctaagaagat	gggttttgaa	gaaagaacac	cacttatggt	tgctgctatg	360
tatggaagca	tggaagtgtt	gaattacata	attgccacag	gaagatccga	tgtgaacaga	420
gtttgcagtg	acgagaaagt	cactgctctt	cactgtgcag	tttctggctg	ttctgtttct	480
atcgttgaga	tcatcaagat	cttgcttgat	gcttctgctt	cacctaatg	tgttgacgct	540
aatgggaaca	aaccggttga	tttggtggct	aaagattctc	ggtttgttcc	taaccagagt	600
agaaaggcgg	ttgaggtttt	actgaccggg	attcatggtt	cggttatgga	agaagaggag	660
gaggaactga	agagtgtttg	gactaagtat	ccagctgatg	catcacttcc	tgatattaac	720
gaaggtgttt	atggaactga	tgatttttagg	atgtttagct	ttaaggttaa	gcatgttct	780
agggcttatt	cacatgattg	gactgaatgt	ccttttgttc	atcctgggtg	gaatgcaagg	840
aggagagatc	ctaggaagta	tccttacact	tgtgtgcctt	gtcccagatt	tcgtaaaggg	900
tcttgtccta	aaggagattc	gtgtgagtac	gcgcacgggtg	ttttcgagtc	ttggettccac	960
ccggcgcagt	ataggacacg	gctttgcaaa	gatgagactg	gttgtgctag	gagagtttgt	1020
ttctttgctc	atagacggga	tgagttaaga	ccggttaatg	cttctactgg	ttctgcaatg	1080
gtttcaccaa	ggtcgtctaa	tcagtctcct	gagatgtctg	ttatgtctcc	tttgacgctg	1140
ggatcatcgc	caatgaactc	tcctatggct	aatgggtgtc	ctttgtctcc	aagaaatggt	1200
ggtttatggc	agaacagagt	taatagcctt	acaccaccac	cgttgacgct	taatggtagc	1260
agattgaagt	cgactttgag	tgctagagat	atggatattg	agatggaact	taggtttcgc	1320
ggtttgata	accggagact	tggtgatctc	aagccatcca	acctcgaaga	gactttcggg	1380
tcatatgact	cagcttctgt	gatgcaactt	caatcaccaa	gcaggcattc	tcagatgaac	1440
cactatccgt	cttcacctgt	gaggcagcct	cctcctcatg	gattcgaatc	ttcagcagcc	1500
atggcagctg	cagtgatgaa	tgcaagatcc	tcagcgtttg	cgaaacgcag	cttgagtttc	1560

aaaccagctc	cagtagcttc	taatgtctcc	gattggggat	caccaaattg	gaagcttgag	1620
tggggaatgc	aaagagatga	gctgaacaag	ttgaggagaa	gtgcctcctt	cggcattcat	1680
ggaaacaaca	acaacagtgt	gtcacgcctt	gctagagact	acagtgacga	gccagatgtg	1740
tcgtgggtga	actcactggt	gaaagagaat	gcaccagaga	gagtgaatga	gagggttggg	1800
aatacgggtga	atgggtgcagc	gagtagagac	aagtttaagc	tgccgtcgtg	ggcagagcaa	1860
atgtatatag	accatgagca	gcagattgtg	gcataagaag	cagaaagaaa	gatgtgggat	1920
ttatattgct	tttgtcttct	gggcctctct	acacagaatc	taacaaatct	ggcaataatt	1980
ctttgatttg	tgtttgacc	atagtttggt	tactagtata	tgttttttta	tgttcttttt	2040
ttctttgtca	ttctcttgtc	cttcgtgaca	ctatgtaatg	attaaaagca	aataattgat	2100
gcatgagttc	aaatgttctt	tgaaggatcc	atcttattag	ctttgtaatt	gttgtgatat	2160
cttaatctta	ttggttacgt	atctcaagtg	ctttagaaaa	aatgggccta	agagattttg	2220
ggg						2223

<210> 23

<211> 597

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 23

5

ES 2 558 133 T3

Met	Cys	Gly	Ala	Lys	Ser	Asn	Leu	Cys	Ser	Ser	Lys	Thr	Leu	Thr	Glu
1				5					10					15	
Val	Glu	Phe	Met	Arg	Gln	Lys	Ser	Glu	Asp	Gly	Ala	Ser	Ala	Thr	Cys
			20					25					30		
Leu	Leu	Glu	Phe	Ala	Ala	Cys	Asp	Asp	Leu	Ser	Ser	Phe	Lys	Arg	Glu
		35					40					45			
Ile	Glu	Glu	Asn	Pro	Ser	Val	Glu	Ile	Asp	Glu	Ser	Gly	Phe	Trp	Tyr
	50					55					60				
Cys	Arg	Arg	Val	Gly	Ser	Lys	Lys	Met	Gly	Phe	Glu	Glu	Arg	Thr	Pro
65				70						75					80
Leu	Met	Val	Ala	Ala	Met	Tyr	Gly	Ser	Met	Glu	Val	Leu	Asn	Tyr	Ile
				85					90					95	
Ile	Ala	Thr	Gly	Arg	Ser	Asp	Val	Asn	Arg	Val	Cys	Ser	Asp	Glu	Lys
			100					105					110		
Val	Thr	Ala	Leu	His	Cys	Ala	Val	Ser	Gly	Cys	Ser	Val	Ser	Ile	Val
		115					120						125		
Glu	Ile	Ile	Lys	Ile	Leu	Leu	Asp	Ala	Ser	Ala	Ser	Pro	Asn	Cys	Val
	130					135						140			
Asp	Ala	Asn	Gly	Asn	Lys	Pro	Val	Asp	Leu	Leu	Ala	Lys	Asp	Ser	Arg
145					150					155					160
Phe	Val	Pro	Asn	Gln	Ser	Arg	Lys	Ala	Val	Glu	Val	Leu	Leu	Thr	Gly
				165					170					175	
Ile	His	Gly	Ser	Val	Met	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu	Leu	Lys	Ser	Val
			180					185					190		
Val	Thr	Lys	Tyr	Pro	Ala	Asp	Ala	Ser	Leu	Pro	Asp	Ile	Asn	Glu	Gly
		195				200						205			
Val	Tyr	Gly	Thr	Asp	Asp	Phe	Arg	Met	Phe	Ser	Phe	Lys	Val	Lys	Pro
	210					215					220				
Cys	Ser	Arg	Ala	Tyr	Ser	His	Asp	Trp	Thr	Glu	Cys	Pro	Phe	Val	His
225					230					235					240
Pro	Gly	Glu	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Asp	Pro	Arg	Lys	Tyr	Pro	Tyr	Thr
				245				250						255	
Cys	Val	Pro	Cys	Pro	Glu	Phe	Arg	Lys	Gly	Ser	Cys	Pro	Lys	Gly	Asp
			260					265					270		
Ser	Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly	Val	Phe	Glu	Ser	Trp	Leu	His	Pro	Ala
		275					280					285			
Gln	Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys	Asp	Glu	Thr	Gly	Cys	Ala	Arg	Arg
	290					295					300				
Val	Cys	Phe	Phe	Ala	His	Arg	Arg	Asp	Glu	Leu	Arg	Pro	Val	Asn	Ala
305					310					315					320

ES 2 558 133 T3

Ser Thr Gly Ser Ala Met Val Ser Pro Arg Ser Ser Asn Gln Ser Pro  
 325 330 335  
 Glu Met Ser Val Met Ser Pro Leu Thr Leu Gly Ser Ser Pro Met Asn  
 340 345 350  
 Ser Pro Met Ala Asn Gly Val Pro Leu Ser Pro Arg Asn Gly Gly Leu  
 355 360 365  
 Trp Gln Asn Arg Val Asn Ser Leu Thr Pro Pro Pro Leu Gln Leu Asn  
 370 375 380  
 Gly Ser Arg Leu Lys Ser Thr Leu Ser Ala Arg Asp Met Asp Met Glu  
 385 390 395 400  
 Met Glu Leu Arg Phe Arg Gly Leu Asp Asn Arg Arg Leu Gly Asp Leu  
 405 410 415  
 Lys Pro Ser Asn Leu Glu Glu Thr Phe Gly Ser Tyr Asp Ser Ala Ser  
 420 425 430  
 Val Met Gln Leu Gln Ser Pro Ser Arg His Ser Gln Met Asn His Tyr  
 435 440 445  
 Pro Ser Ser Pro Val Arg Gln Pro Pro Pro His Gly Phe Glu Ser Ser  
 450 455 460  
 Ala Ala Met Ala Ala Ala Val Met Asn Ala Arg Ser Ser Ala Phe Ala  
 465 470 475 480  
 Lys Arg Ser Leu Ser Phe Lys Pro Ala Pro Val Ala Ser Asn Val Ser  
 485 490 495  
 Asp Trp Gly Ser Pro Asn Gly Lys Leu Glu Trp Gly Met Gln Arg Asp  
 500 505 510  
 Glu Leu Asn Lys Leu Arg Arg Ser Ala Ser Phe Gly Ile His Gly Asn  
 515 520 525  
 Asn Asn Asn Ser Val Ser Arg Pro Ala Arg Asp Tyr Ser Asp Glu Pro  
 530 535 540  
 Asp Val Ser Trp Val Asn Ser Leu Val Lys Glu Asn Ala Pro Glu Arg  
 545 550 555 560  
 Val Asn Glu Arg Val Gly Asn Thr Val Asn Gly Ala Ala Ser Arg Asp  
 565 570 575  
 Lys Phe Lys Leu Pro Ser Trp Ala Glu Gln Met Tyr Ile Asp His Glu  
 580 585 590  
 Gln Gln Ile Val Ala  
 595

<210> 24  
 <211> 1761  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 24

ES 2 558 133 T3

atggaaaaag	atagtattat	gtgcagtgga	ccaaagagca	atctctgctc	ttcaagaacc	60
ttaacagaaa	tcgaatcaag	gcaaaaggaa	gaagaaacaa	tgcttctcct	cgaattcgct	120
gcttgtgatg	atcttgactc	gttcaagaga	gaggttgaag	agaaagggct	tgatttggat	180
gagtcagggt	tatggtattg	cagacgtgtc	ggttctaaga	agatgggtct	tgaagaaaga	240
acacctttaa	tggttgcagc	tatgtatgga	agcataaagg	ttttgacttt	catcgtttcc	300
actggaaaaat	ctgatgtgaa	cagagcttgt	ggtgaagaga	gagttactcc	gcttctactgt	360
gctgttgctg	gctgttctgt	gaatatgatt	gaagtcatca	atgtcttgct	tgatgcttct	420
gctttggtta	actctgttga	tgctaattgg	aatcaacctt	tggatgtggt	tgttcgagtt	480
tcgaggtttg	tggctagtcc	gaggaggaaa	gcggttgagt	tgttgctgag	aggaggaggt	540
gttggaggat	tgatcgatga	ggcggttgaa	gaagagatca	agattgtctc	taagtatcca	600
gctgatgctt	ctttaccgga	tataaacgaa	ggggtttatg	gaagtgatga	gtttaggatg	660
tatagcttta	aggttaagcc	atgttctagg	gcttattctc	atgattggac	cgagtgtgct	720
tttgttcate	cgggagaaaa	tcgaggagg	agagatccga	ggaagtatcc	ttacacttgt	780
gtcccctgtc	ccgagttccg	taaaggatca	tgcccgaaag	gagattcttg	cgagtatgct	840
cacggggttt	tcgagtcgtg	gcttcacccc	gcgcagtata	aaaccgggct	ttgtaaagat	900
gaaacggggt	gtgcaaggaa	agtttgtttc	tttgcctata	aacgcgaaga	gatgagacct	960

gttaatgctt	caactggctc	tgcctgggct	cagtctccgt	ttagcagctt	ggagatgatg	1020
ccagggttgt	ctcctcttgc	ttattcttca	ggagtttcca	ctcctccggt	ttctccaatg	1080
gctaatggty	ttccttctct	tccaagaaac	ggcggatcat	ggcagaacag	agtcaatacc	1140
cttactccac	cggctttgca	gctcaatggt	ggaagcagat	tgaagtccac	actgagcgtc	1200
agagatatcg	atatggagat	ggagatggaa	ttgagactcc	gcggttttgg	caacaatgtg	1260
gaagagacgt	tcgggtctta	tgtttctctc	ccaagtagga	attctcaaat	gggtcaaaac	1320
atgaaccaac	attatccatc	ttccccggtg	agacaaccgc	catctcaaca	cgggttcgaa	1380
tcttcagcag	ctgcagcggg	tcagtgatg	aaagcagat	caaccgcctt	tgcgaaacgt	1440
agcttgagct	tcaaaccagc	tactcaagca	gcaccacagt	cgaatctctc	ggattgggga	1500
tctccaaacg	ggaagctgga	atggggaatg	aaaggagaag	agctgaataa	gatgagaaga	1560
agtgtttcct	ttggaatcca	tggaaacaac	aacaataacg	cagctagaga	ctacagggac	1620
gagccagatg	tgatcatggg	taactcttta	gttaaagaca	gtactgtggg	gtctgagaga	1680
agctttggaa	tgaatgagag	ggttcggata	atgtcgtggg	ctgagcaaat	gtacagagag	1740
aaggagcaga	ctgtggtgta	a				1761

<210> 25  
 <211> 586  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 25

ES 2 558 133 T3

Met	Glu	Lys	Asp	Ser	Ile	Met	Cys	Ser	Gly	Pro	Lys	Ser	Asn	Leu	Cys
1				5					10					15	
Ser	Ser	Arg	Thr	Leu	Thr	Glu	Ile	Glu	Ser	Arg	Gln	Lys	Glu	Glu	Glu
			20					25					30		
Thr	Met	Leu	Leu	Leu	Glu	Phe	Ala	Ala	Cys	Asp	Asp	Leu	Asp	Ser	Phe
		35					40					45			
Lys	Arg	Glu	Val	Glu	Glu	Lys	Gly	Leu	Asp	Leu	Asp	Glu	Ser	Gly	Leu
	50					55					60				
Trp	Tyr	Cys	Arg	Arg	Val	Gly	Ser	Lys	Lys	Met	Gly	Leu	Glu	Glu	Arg
65					70					75					80
Thr	Pro	Leu	Met	Val	Ala	Ala	Met	Tyr	Gly	Ser	Ile	Lys	Val	Leu	Thr
				85					90					95	
Phe	Ile	Val	Ser	Thr	Gly	Lys	Ser	Asp	Val	Asn	Arg	Ala	Cys	Gly	Glu
			100					105					110		
Glu	Arg	Val	Thr	Pro	Leu	His	Cys	Ala	Val	Ala	Gly	Cys	Ser	Val	Asn
		115					120					125			
Met	Ile	Glu	Val	Ile	Asn	Val	Leu	Leu	Asp	Ala	Ser	Ala	Leu	Val	Asn
	130					135					140				
Ser	Val	Asp	Ala	Asn	Gly	Asn	Gln	Pro	Leu	Asp	Val	Phe	Val	Arg	Val
145				150						155				160	
Ser	Arg	Phe	Val	Ala	Ser	Pro	Arg	Arg	Lys	Ala	Val	Glu	Leu	Leu	Leu
				165					170					175	
Arg	Gly	Gly	Gly	Val	Gly	Gly	Leu	Ile	Asp	Glu	Ala	Val	Glu	Glu	Glu
			180					185					190		
Ile	Lys	Ile	Val	Ser	Lys	Tyr	Pro	Ala	Asp	Ala	Ser	Leu	Pro	Asp	Ile
	195						200					205			
Asn	Glu	Gly	Val	Tyr	Gly	Ser	Asp	Glu	Phe	Arg	Met	Tyr	Ser	Phe	Lys
	210					215					220				
Val	Lys	Pro	Cys	Ser	Arg	Ala	Tyr	Ser	His	Asp	Trp	Thr	Glu	Cys	Ala
225					230					235					240
Phe	Val	His	Pro	Gly	Glu	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Asp	Pro	Arg	Lys	Tyr
				245					250					255	
Pro	Tyr	Thr	Cys	Val	Pro	Cys	Pro	Glu	Phe	Arg	Lys	Gly	Ser	Cys	Pro
			260					265					270		
Lys	Gly	Asp	Ser	Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly	Val	Phe	Glu	Ser	Trp	Leu
		275					280					285			
His	Pro	Ala	Gln	Tyr	Lys	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys	Asp	Glu	Thr	Gly	Cys
	290					295					300				

ES 2 558 133 T3

Ala Arg Lys Val Cys Phe Phe Ala His Lys Arg Glu Glu Met Arg Pro  
 305 310 315 320  
 Val Asn Ala Ser Thr Gly Ser Ala Val Ala Gln Ser Pro Phe Ser Ser  
 325 330 335  
 Leu Glu Met Met Pro Gly Leu Ser Pro Leu Ala Tyr Ser Ser Gly Val  
 340 345 350  
 Ser Thr Pro Pro Val Ser Pro Met Ala Asn Gly Val Pro Ser Ser Pro  
 355 360 365  
 Arg Asn Gly Gly Ser Trp Gln Asn Arg Val Asn Thr Leu Thr Pro Pro  
 370 375 380  
 Ala Leu Gln Leu Asn Gly Gly Ser Arg Leu Lys Ser Thr Leu Ser Ala  
 385 390 395 400  
 Arg Asp Ile Asp Met Glu Met Glu Met Glu Leu Arg Leu Arg Gly Phe  
 405 410 415  
 Gly Asn Asn Val Glu Glu Thr Phe Gly Ser Tyr Val Ser Ser Pro Ser  
 420 425 430  
 Arg Asn Ser Gln Met Gly Gln Asn Met Asn Gln His Tyr Pro Ser Ser  
 435 440 445  
 Pro Val Arg Gln Pro Pro Ser Gln His Gly Phe Glu Ser Ser Ala Ala  
 450 455 460  
 Ala Ala Val Ala Val Met Lys Ala Arg Ser Thr Ala Phe Ala Lys Arg  
 465 470 475 480  
 Ser Leu Ser Phe Lys Pro Ala Thr Gln Ala Ala Pro Gln Ser Asn Leu  
 485 490 495  
 Ser Asp Trp Gly Ser Pro Asn Gly Lys Leu Glu Trp Gly Met Lys Gly  
 500 505 510  
 Glu Glu Leu Asn Lys Met Arg Arg Ser Val Ser Phe Gly Ile His Gly  
 515 520 525  
 Asn Asn Asn Asn Asn Ala Ala Arg Asp Tyr Arg Asp Glu Pro Asp Val  
 530 535 540  
 Ser Trp Val Asn Ser Leu Val Lys Asp Ser Thr Val Val Ser Glu Arg  
 545 550 555 560  
 Ser Phe Gly Met Asn Glu Arg Val Arg Ile Met Ser Trp Ala Glu Gln  
 565 570 575  
 Met Tyr Arg Glu Lys Glu Gln Thr Val Val  
 580 585

<210> 26  
 <211> 2709  
 <212> ADN  
 <213> *Eucalyptus grandis*

5

<400> 26

ES 2 558 133 T3

cttctgaaag	ctttttgact	taagacgaga	gagaaggaga	gaaggcccc	ctcctcgtcc	60
tcgtccccc	gtggattttg	aagaagaaaa	gtcgcacctt	ccttctcctt	teccactcct	120
ccctctgctc	gaagcttttc	tcttcgcgag	aattacataa	aaacctcgac	tttgcgcctc	180
attccgattc	acctcacacc	tctactttcc	cactcagaggt	ctccccctc	ttttcctagc	240
tctttccctt	tcctccctc	tctctcgaga	atcgccgcat	ttggaggagc	tccaatctgc	300
tttgctttgc	tttgcctct	tcttgcctcg	ttccccctca	taaggagtcg	attatgtgca	360
acggttcttc	gaagggtaaa	cttttcccct	cgagtatggg	catggagggc	gaattccaca	420
acaaggatgg	cgaagcacc	cgtaaagtgt	ctgccttgct	tgaattggca	gcctcggacg	480
atctctcgtc	gttcaaaagt	gaagtgggaag	agaagggctg	cgacgttgat	gaggccagct	540
tttggtatgg	taggagaatc	gggtcgaaga	agatgggttt	tgaagagagg	actccattga	600
tgatctctgc	tttgtttgga	agcaccaagg	tcttgaataa	cataatcgag	accgccagag	660
ctgatgtcaa	caggtcttgg	gggtccgaca	aggtggccgc	cctccattgc	gcagccgctg	720
gtgggtccag	ttcttcaact	gaaattgtga	agctcttgat	tgaggcctca	gcggatatta	780
attctgtaga	tggcaatgga	aataggccca	tcgacgtgct	tgccccggca	gggaagtctc	840
gctgcaattc	cagaaataag	tttgtttagat	cgttgctgaa	aggtgaaaac	tatgtcgtgg	900
aagtgacca	atcctttgac	atagaaggag	aggagaagct	agtcgctctt	ccaaggagg	960
gaggcgagaa	gaaagagtat	cctgttgatg	tctctctacc	tgacataaac	aatgggttct	1020
acagtaccga	tgagtccgg	atgtatgott	tcaaggtgaa	gccttgctcg	agggttact	1080
cccacgactg	gaccgagtgc	ccgtttgtgc	accctgggga	gaacgcgagg	aggagggacc	1140
cacgcaagta	cccttacagc	tgtgtccctt	gtcctgagtt	tcgcaagggg	tcgtgcgtaa	1200
gggggatgc	ttgtgagtat	gctcatggag	tctttgagtc	gtggcttcac	ccagcgaat	1260
accgaaccgg	gctgtgcaag	gatgaaactg	gttgactcgc	caaagtttgc	ttctttgctc	1320
acaagtccga	agaattgcgt	cccgtgtatg	cttccacagg	ttctgctatg	ccctcaccca	1380
agtccttttc	agctaatgcc	ctagacatga	caacctgag	ccccttatcc	cttaattcac	1440
catctctgcc	tttgctgct	acttccacgc	ccccatgct	acctttggct	gcctcatctt	1500
cacccaaggg	catgaaactg	tggcataaag	aaattaacct	gacccacca	agcctgagc	1560
ttcctggcag	ccggctgaag	acggctatga	gtgcgcggga	cctcgatttt	gagttggaat	1620
ttcttgggct	ggaaaagcaa	gcttctcagc	ggcagcaact	gatagaagag	atctctcgtc	1680
tctcatcgcc	ctctcatatg	tggaaactcg	aatttggcag	aaccgcagag	ctgaagccca	1740
ctaaccctga	tgatgcgttt	ggatctcttg	acacttctct	tttgtctccg	ttgcaggggt	1800
cgtcgatgaa	aacatcgact	cctaccaggt	tgcaatcccc	cacagggctt	aaaatttcga	1860
atltgaacca	actccgtgcg	agctaccggt	ctagcagctt	gtcgtcctct	cctgtgagga	1920
agacctcttc	ttttgggttc	gactcatcca	gtgcagttgc	tgacgcagtc	atgaactcac	1980
ggtctgctgc	tatgacgaag	cggagccaga	gcttcattga	ccgtggagca	gtgggtcaac	2040
ggtctggact	cattggacct	gctaattctg	ctcctaggat	gtccaacctt	tcggactggg	2100
gctcgcctga	tgggaagtgg	gattgggggtg	ttcaagggga	cgagctcaac	aagcttagga	2160
agtccgcttc	cttcggcttt	agaaacaaca	gtatggcgaa	cccaaacaac	gtggcgtctc	2220
ccagtgctga	tgagccggac	gtgtcgtggg	ttggttcatt	ggtgaaggat	gtggctccgc	2280
ccgaagggtg	tccacagtat	ctgtacatag	aacaggagca	gatggtggca	taactaaagc	2340
gaagagcacc	acacgaactc	tctcctgatg	gcttaagatg	acttgtttga	cattctttat	2400
attcttacia	acagcgcggt	cttaggagtt	agctggagga	aagaaggaaa	cggtattgag	2460
ttgagattc	aggctcttag	ctggacagcg	aaaatttggg	gaaggaagag	aatttggttt	2520
cttgcccaac	ttagataatg	atgcttttga	aggcttaaaa	gaaagatgaa	ggcaaacatt	2580
cttttgtag	tattgtatta	ttgttttaat	ttttcatccc	ctctgtcggg	gtgtgggtggg	2640
tgtcgtggtt	tctttcatca	gtaaaatata	taatgaggtt	tactcatcta	tttttacta	2700
aaaaaaaa						2709

<210> 27  
 <211> 659  
 <212> PRT  
 <213> *Eucalyptus grandis*

5

<400> 27



ES 2 558 133 T3

Met	Cys	Asn	Gly	Ser	Ser	Lys	Gly	Lys	Leu	Phe	Pro	Ser	Ser	Met	Gly
1				5					10					15	
Met	Glu	Gly	Glu	Phe	His	Asn	Lys	Asp	Gly	Glu	Ala	Pro	Arg	Lys	Cys
			20					25					30		
Ser	Ala	Leu	Leu	Glu	Leu	Ala	Ala	Ser	Asp	Asp	Leu	Ser	Ser	Phe	Lys
		35					40					45			
Ser	Glu	Val	Glu	Glu	Lys	Gly	Cys	Asp	Val	Asp	Glu	Ala	Ser	Phe	Trp
	50					55					60				
Tyr	Gly	Arg	Arg	Ile	Gly	Ser	Lys	Lys	Met	Gly	Phe	Glu	Glu	Arg	Thr
65				70						75				80	
Pro	Leu	Met	Ile	Ser	Ala	Leu	Phe	Gly	Ser	Thr	Lys	Val	Leu	Lys	Tyr
				85					90					95	
Ile	Ile	Glu	Thr	Ala	Arg	Ala	Asp	Val	Asn	Arg	Ser	Cys	Gly	Ser	Asp
			100					105					110		
Lys	Val	Ala	Ala	Leu	His	Cys	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Ser	Ser	Ser	Ser
		115					120					125			
Leu	Glu	Ile	Val	Lys	Leu	Leu	Ile	Glu	Ala	Ser	Ala	Asp	Ile	Asn	Ser
	130					135					140				
Val	Asp	Gly	Asn	Gly	Asn	Arg	Pro	Ile	Asp	Val	Leu	Ala	Pro	Ala	Gly
145					150					155					160
Lys	Ser	Arg	Cys	Asn	Ser	Arg	Asn	Lys	Phe	Val	Arg	Ser	Leu	Leu	Lys
				165					170					175	

Gly Glu Asn Tyr Val Val Glu Gly Asp Gln Ser Phe Asp Ile Glu Gly  
 180 185 190  
 Glu Glu Lys Leu Val Ala Leu Pro Lys Glu Gly Gly Glu Lys Lys Glu  
 195 200 205  
 Tyr Pro Val Asp Val Ser Leu Pro Asp Ile Asn Asn Gly Phe Tyr Ser  
 210 215 220  
 Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ala Phe Lys Val Lys Pro Cys Ser Arg  
 225 230 235 240  
 Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu  
 245 250 255  
 Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Tyr Pro Tyr Ser Cys Val Pro  
 260 265 270  
 Cys Pro Glu Phe Arg Lys Gly Ser Cys Val Arg Gly Asp Ala Cys Glu  
 275 280 285  
 Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Ser Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg  
 290 295 300  
 Thr Arg Leu Cys Lys Asp Glu Thr Gly Cys Thr Arg Lys Val Cys Phe  
 305 310 315 320  
 Phe Ala His Lys Ser Glu Glu Leu Arg Pro Val Tyr Ala Ser Thr Gly  
 325 330 335  
 Ser Ala Met Pro Ser Pro Lys Ser Phe Ser Ala Asn Ala Leu Asp Met  
 340 345 350  
 Thr Thr Leu Ser Pro Leu Ser Leu Asn Ser Pro Ser Leu Pro Leu Pro  
 355 360 365  
 Ala Thr Ser Thr Pro Pro Met Ser Pro Leu Ala Ala Ser Ser Ser Pro  
 370 375 380  
 Lys Gly Met Asn Leu Trp His Asn Lys Ile Asn Leu Thr Pro Pro Ser  
 385 390 395 400  
 Leu Gln Leu Pro Gly Ser Arg Leu Lys Thr Ala Met Ser Ala Arg Asp  
 405 410 415  
 Phe Asp Phe Glu Leu Glu Phe Leu Gly Leu Glu Lys Gln Ala Ser Gln  
 420 425 430  
 Arg Gln Gln Leu Ile Glu Glu Ile Ser Arg Leu Ser Ser Pro Ser His  
 435 440 445  
 Met Trp Asn Ser Glu Phe Gly Arg Thr Ala Glu Leu Lys Pro Thr Asn  
 450 455 460  
 Leu Asp Asp Ala Phe Gly Ser Leu Asp Thr Ser Leu Leu Ser Pro Leu  
 465 470 475 480  
 Gln Gly Ser Ser Met Lys Thr Ser Thr Pro Thr Gln Leu Gln Ser Pro  
 485 490 495  
 Thr Gly Leu Lys Ile Ser Asn Leu Asn Gln Leu Arg Ala Ser Tyr Pro  
 500 505 510  
 Ser Ser Ser Leu Ser Ser Ser Pro Val Arg Lys Thr Ser Ser Phe Gly  
 515 520 525  
 Phe Asp Ser Ser Ser Ala Val Ala Ala Val Met Asn Ser Arg Ser  
 530 535 540  
 Ala Ala Met Thr Lys Arg Ser Gln Ser Phe Ile Asp Arg Gly Ala Val  
 545 550 555 560  
 Gly Gln Arg Ser Gly Leu Ile Gly Pro Ala Asn Ser Ala Pro Arg Met  
 565 570 575  
 Ser Asn Leu Ser Asp Trp Gly Ser Pro Asp Gly Lys Leu Asp Trp Gly  
 580 585 590  
 Val Gln Gly Asp Glu Leu Asn Lys Leu Arg Lys Ser Ala Ser Phe Gly  
 595 600 605  
 Phe Arg Asn Asn Ser Met Ala Asn Pro Asn Asn Val Ala Ser Pro Ser  
 610 615 620  
 Ala Asp Glu Pro Asp Val Ser Trp Val Gly Ser Leu Val Lys Asp Val  
 625 630 635 640  
 Ala Pro Pro Glu Gly Tyr Pro Gln Tyr Leu Tyr Ile Glu Gln Glu Gln

ES 2 558 133 T3

Met Val Ala

645

650

655

5

<210> 28  
 <211> 2518  
 <212> ADN  
 <213> *Eucalyptus grandis*  
 <400> 28

tctccttcga	gtttctttct	tcactagaat	tcgctcccga	gtctgttggt	gctcgtgtag	60
ttttgcttac	tccgctcctc	gtttagctcg	ctgaccagcg	cggagctagg	agcggctcgt	120
aaaggattac	tcgtacaaaa	cgtaaactca	gctctgccaa	ttttcccatg	gagggggaat	180
cttacttcga	gaaagatgaa	aaatattcta	attgctcaat	cttgctcgaa	ttatctgctt	240
cggacgatct	cccagctttt	gaaaggaaa	cgaaagagaa	gggctgtaac	attgatggtg	300
ctagcttctg	gtacggtaga	agaattggct	caaggaaagat	gggtcttgaa	gagaggactc	360
ctctcatggt	ggcttccttg	tttggaaagct	ctagggttgt	gaagtacatt	ctcgaatctg	420
gcaaagtcga	tgtaaatagg	gcttgtgggt	cggacaaggt	cactgcctt	cactgtgctg	480
ttgccagtgg	ctctgcttct	gcggtggagg	ttgtcaagct	cttgcttcac	gcatctgccg	540
atgctaattg	cattgatggc	aatggaaaaga	agccaattga	tgtgatagcc	cttccattaa	600
agtcacgcgg	cgattcaagg	aggaagctga	tggagctggt	gctgaaaggc	gataattctg	660
atggggaatt	tgaatccac	gaggagaagc	cgattgccgc	accgcaagca	tccaaagagg	720
gaagcgaaaa	gaaagagtat	caatttctct	ttgatatctc	tctgctgac	ataaatgttg	780
ggatttacag	tactgatgag	ttcagaatgt	atgctttcaa	agtaaagcct	tgctcgcggg	840
catactccca	tgactggaca	gagtgcccat	ttgttcatcc	tggcgagaat	gcgaggaggc	900
gggaccctcg	caagtacccc	tacagctgcg	tcccttgccc	tgaatttcgg	aagggatctt	960
gccaaaaggg	tgactcctgt	gagtacgcgc	acggcgtatt	tgagtctggt	cttcatcctg	1020
cacagtatag	aacaagactg	tgcaaggatg	agactggatg	tgctcgcaaa	gtttgtttct	1080
ttgctcacia	gcccgaagaa	ttaaggcctg	tctatgcttc	gacgggatca	gctatgcctt	1140
ccccaaaatc	ctactcatca	agtgggctgg	acatgtccac	attgagtcct	ctctcaatca	1200
gttctcggtc	agcatcgttg	cctgttactt	caacagcacc	catgtctcct	cttgcagcct	1260
cgatcatctcc	gatgtctgtg	aacatgtggc	agagcaaggg	taacaagctc	tccccgcaa	1320
tgctgcagct	ctcaggtagt	aggctgaaga	ctgctttgag	tgctagggac	ttggacctgg	1380
agatggaatt	gcgtggctca	gagagtca	tggccactca	acagcatcag	ttgatggaag	1440
agatatctcg	tctctcctca	ccatcatcct	gcttttagtag	taggattggg	gaaagtgaac	1500
ccaactaacct	cgatgacgtt	tttgggtctc	cggatcctgc	tttgctgcct	caattgcagg	1560
ggctgtcaag	accttcaaca	ccaagccagt	tgcaatctcc	aactgggctt	cagatgcgcc	1620
agaatgcaac	ccagtttctg	ggggcgtacc	agagcaatgc	aatgcattg	tcatctccag	1680
caatgaagca	ggcaccttct	tatgggtttg	actcatctag	tgcaagttgca	gcagcgggtga	1740
tgaattcgag	gtcagccgct	tttgcgaagc	ggagtcagag	ttttatcgac	aggggaatgg	1800
cgtgccttg	aattgccaat	tcttccccta	tgatgtcttc	agctatgtcg	agctggagct	1860
cacctcatgg	gaaattggat	tggggcgtcc	aaggagatga	gttgaatagg	ctgaggaaag	1920
ctgcttctct	taagatgaga	agcagcaccg	gagcaggtgc	taatactgtc	tcggcagcag	1980
ccatggctga	tgagccagat	atttcttggg	tcagttcatt	ggttaaggac	gtgccttctg	2040
cggaggacgc	gatgttcgct	gcagagaaa	gacagcgcac	ttatgggaaa	gacatccgcg	2100
aaaggattac	cccatgggtg	gagcagctgt	acagagaagt	gccacggatg	gcgatgtaag	2160
attgccactg	caagtccgat	gccttagtat	gctgactaat	tgatattctt	tgcatttggt	2220
ttgaggcatt	tggtagccat	tagatacgag	aaaaggccaa	gcagcaggtg	gtgtcttggc	2280
aaggaatagg	atgcacatag	tctgttatcg	agtagaatag	acttgggaac	aatgggtata	2340
gccaaaatggt	aaaagttatg	atattctttt	ccaattcttt	ctcttctca	tagtaggttt	2400
ctcacciaagt	cttttagtga	gagcctgcgg	gatgtactat	atgtttccct	tatgtaacgt	2460
ctcttcggtg	aaagaaatgg	ctttataata	taaagcatca	agttttttaa	aaaaaaaa	2518

10

<210> 29  
 <211> 663  
 <212> PRT  
 <213> *Eucalyptus grandis*  
 <400> 29

15

ES 2 558 133 T3

Met Glu Gly Glu Ser Tyr Phe Glu Lys Asp Glu Lys Tyr Ser Asn Cys  
1 5 10 15  
Ser Ile Leu Leu Glu Leu Ser Ala Ser Asp Asp Leu Pro Ala Phe Glu  
20 25 30  
Arg Lys Ala Lys Glu Lys Gly Cys Asn Ile Asp Gly Ala Ser Phe Trp  
35 40 45  
Tyr Gly Arg Arg Ile Gly Ser Arg Lys Met Gly Leu Glu Glu Arg Thr  
50 55 60  
Pro Leu Met Val Ala Ser Leu Phe Gly Ser Ser Arg Val Val Lys Tyr  
65 70 75 80  
Ile Leu Glu Ser Gly Lys Val Asp Val Asn Arg Ala Cys Gly Ser Asp  
85 90 95  
Lys Val Thr Ala Leu His Cys Ala Val Ala Ser Gly Ser Ala Ser Ala  
100 105 110  
Val Glu Val Val Lys Leu Leu Leu His Ala Ser Ala Asp Ala Asn Cys  
115 120 125  
Ile Asp Gly Asn Gly Lys Lys Pro Ile Asp Val Ile Ala Leu Pro Leu  
130 135 140  
Lys Ser Arg Gly Asp Ser Arg Arg Lys Leu Met Glu Leu Leu Leu Lys  
145 150 155 160  
Gly Asp Asn Ser Asp Gly Glu Phe Glu Ser His Glu Glu Lys Pro Ile  
165 170 175  
Ala Ala Pro Gln Ala Ser Lys Glu Gly Ser Glu Lys Lys Glu Tyr Gln  
180 185 190  
Phe Pro Val Asp Ile Ser Leu Pro Asp Ile Asn Val Gly Ile Tyr Ser  
195 200 205  
Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ala Phe Lys Val Lys Pro Cys Ser Arg  
210 215 220  
Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu  
225 230 235 240  
Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Tyr Pro Tyr Ser Cys Val Pro  
245 250 255  
Cys Pro Glu Phe Arg Lys Gly Ser Cys Gln Lys Gly Asp Ser Cys Glu  
260 265 270  
Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Ser Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg  
275 280 285  
Thr Arg Leu Cys Lys Asp Glu Thr Gly Cys Ala Arg Lys Val Cys Phe  
290 295 300  
Phe Ala His Lys Pro Glu Glu Leu Arg Pro Val Tyr Ala Ser Thr Gly  
305 310 315 320  
Ser Ala Met Pro Ser Pro Lys Ser Tyr Ser Ser Ser Gly Leu Asp Met  
325 330 335  
Ser Thr Leu Ser Pro Leu Ser Ile Ser Ser Pro Ser Ala Ser Leu Pro  
340 345 350  
Val Thr Ser Thr Ala Pro Met Ser Pro Leu Ala Ala Ser Ser Ser Pro  
355 360 365  
Met Ser Val Asn Met Trp Gln Ser Lys Ala Asn Lys Leu Ser Pro Pro  
370 375 380  
Met Leu Gln Leu Ser Gly Ser Arg Leu Lys Thr Ala Leu Ser Ala Arg  
385 390 395 400  
Asp Leu Asp Leu Glu Met Glu Leu Arg Gly Leu Glu Ser Gln Met Ala  
405 410 415  
Thr Gln Gln His Gln Leu Met Glu Glu Ile Ser Arg Leu Ser Ser Pro  
420 425 430  
Ser Ser Cys Phe Ser Ser Arg Ile Gly Glu Val Lys Pro Thr Asn Leu  
435 440 445  
Asp Asp Val Phe Gly Ser Pro Asp Pro Ala Leu Leu Pro Gln Leu Gln  
450 455 460  
Gly Leu Ser Arg Pro Ser Thr Pro Ser Gln Leu Gln Ser Pro Thr Gly

ES 2 558 133 T3

```

465              470              475              480
Leu Gln Met Arg Gln Asn Ala Thr Gln Phe Arg Gly Ala Tyr Gln Ser
              485              490              495
Asn Ala Asn Ala Leu Ser Ser Pro Ala Met Lys Gln Ala Pro Ser Tyr
              500              505              510
Gly Phe Asp Ser Ser Ser Ala Val Ala Ala Ala Val Met Asn Ser Arg
              515              520              525
Ser Ala Ala Phe Ala Lys Arg Ser Gln Ser Phe Ile Asp Arg Gly Met
              530              535              540
Ala Cys Pro Gly Ile Ala Asn Ser Ser Pro Met Met Ser Ser Ala Met
545              550              555              560
Ser Ser Trp Ser Ser Pro His Gly Lys Leu Asp Trp Gly Val Gln Gly
              565              570              575
Asp Glu Leu Asn Arg Leu Arg Lys Ala Ala Ser Phe Lys Met Arg Ser
              580              585              590
Ser Thr Gly Ala Gly Ala Asn Thr Val Ser Ala Ala Ala Met Ala Asp
              595              600              605
Glu Pro Asp Ile Ser Trp Val Ser Ser Leu Val Lys Asp Val Pro Ser
610              615              620
Ala Glu Asp Ala Met Phe Ala Ala Glu Lys Gly Gln Arg Thr Tyr Gly
625              630              635              640
Lys Asp Ile Arg Glu Arg Ile Thr Pro Trp Val Glu Gln Leu Tyr Arg
              645              650              655
Glu Val Pro Arg Met Ala Met
              660

```

<210> 30  
 <211> 2001  
 <212> ADN  
 <213> *Triticum aestivum*

5

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (481)..(530)  
 <223> n e s a, c, g o t

10

<400> 30

ES 2 558 133 T3

cgaattccgg	tcgacgattt	ctcgatttcc	ttctctataa	cacaacgctc	tcttctcttg	60
caaccaaagt	acttgttcca	gtgtctactc	tactcaaaaa	ggatttgga	catcatgtgc	120
agtgattcga	aaagtaaact	ttcttcccc	accctcgctc	tcattggaga	tagtaacatt	180
cagaagcaga	atctggatgg	tctctacaac	tcggttttgc	ttgaattgtc	tgcatctgat	240
gattatgaag	ctttcaaaag	agaggtggag	gaaaaaggct	tagatgtgaa	cgaggcaggc	300
ttttggtaag	gtagaagaat	tgggtcaaag	aagatgggat	ctgaaacgag	gaccctctg	360
atgattgctt	ctttgtttg	aagcgccaag	gtgctcaatt	atattcttct	tcagaaagga	420
ggaggtggtg	atgtgaacag	ggctctggtg	tctgataggg	ccactgctct	ccattgtgct	480
nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	tcccggtgct	540
cgatttcgta	ggagattcac	agagagaaaa	gaagcaatta	gtgataataa	gaaagaatac	600
cctgttgata	tatcactgcc	agacataaac	aacgggtgat	atggaacaga	tgattttagg	660
atgtacaact	tcaaggtgaa	gccttgctca	agggttact	cccatgactg	gaccgagtgt	720
ccattcgttc	accagggga	gaacgctagg	aggagagacc	cacggaaata	cccttacagc	780
tgtgttccct	gcctgaggt	ccgcaaagg	acctgccaga	aggggtgatt	ctgtgagtat	840
gctcatggtg	tttttgagtc	ctggctgcat	cctgccaat	accggacaag	gctttgcaag	900
gatgagactg	gctgcgctag	aaaagtctgc	ttctttgccc	acaaacctga	agagctacgc	960
cctgtgtatg	cttccactgg	gtcggctatg	ccatcaccaa	aatcatattc	agctagtgga	1020
cttgacatga	cagcgatgag	tccattggct	ctaagttcca	catctttgcc	taatgcccc	1080
ccgtttccag	ctcacccta	tcgtgcgcc	tcgttcttct	ctcagagtga	agctgtgcag	1140
aacaaaataa	accttactcc	accatcgttg	cagctccttg	gtagccgact	gaaggctgct	1200
ttgagtcca	gggatctgga	gatggagatg	gaactgctcg	gtctagaaag	ccctgctcgc	1260
caacaacagc	agcagcagca	acaattgatc	gaagagattg	ccaggatctc	ttccccatct	1320
ttccggagca	aggaattcaa	taggattggt	gatttgaatc	ctactaacct	tgatgacctg	1380
ttagcatctg	ctgacccttc	tgtattttct	caactacatg	gactttctgt	gcaaccttca	1440
acaccacac	aaagtgggct	tcagatgcgc	caaaacatga	accacctccg	tgcgagttat	1500
ccatccaaca	tcccttctct	tctgtgagg	aagcctcag	cttttgggtt	tgactcatca	1560
gctgtctggt	caactgcagt	gatgaattct	aggtctgctg	ccttcgcaa	gcgaagccaa	1620
agtttcattg	atcgtggagc	tgcaaccac	catcttgggc	tgtcttcagc	ttccaactct	1680
tcttgacagg	tatctctac	cctttcagat	tggagtctcc	ctaccgggaa	actggattgg	1740
gggtgaaacg	gagacaagct	gaacaagctg	aggaaatcta	cttcctttgg	attcagaaac	1800
agtggggtaa	ctgcatcccc	catagcacag	cctgaatttg	gtgctgagcc	ggatgtctca	1860
tgggttcatt	cattgggttaa	agatgttccc	tccgagaggt	ctgagatatt	tggtgctgag	1920
aagcaacaat	atgatctcag	taaagagatg	cttccacat	ggatggagca	gctgtatata	1980
gagcaggagc	agatggtagc	a				2001

<210> 31  
 <211> 667  
 <212> PRT  
 <213> *Triticum aestivum*

5

<220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (161)..(177)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

10

<400> 31

ES 2 558 133 T3

Arg Ile Pro Val Asp Asp Phe Ser Ile Ser Phe Ser Ile Thr Gln Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Leu Leu Gln Pro Lys Tyr Leu Phe Gln Cys Leu Leu Tyr Ser  
 20 25 30  
 Lys Arg Ile Trp Asp Ile Met Cys Ser Asp Ser Lys Ser Lys Leu Ser  
 35 40 45  
 Ser Pro Thr Leu Val Val Met Glu Asn Ser Asn Ile Gln Lys Gln Asn  
 50 55 60  
 Leu Asp Gly Leu Tyr Asn Ser Val Leu Leu Glu Leu Ser Ala Ser Asp  
 65 70 75 80  
 Asp Tyr Glu Ala Phe Lys Arg Glu Val Glu Glu Lys Gly Leu Asp Val  
 85 90 95  
 Asn Glu Ala Gly Phe Trp Tyr Gly Arg Arg Ile Gly Ser Lys Lys Met  
 100 105 110  
 Gly Ser Glu Thr Arg Thr Pro Leu Met Ile Ala Ser Leu Phe Gly Ser  
 115 120 125  
 Ala Lys Val Leu Asn Tyr Ile Leu Leu Gln Lys Gly Gly Gly Val Asp  
 130 135 140  
 Val Asn Arg Val Cys Gly Ser Asp Arg Ala Thr Ala Leu His Cys Ala  
 145 150 155 160  
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 165 170 175  
 Xaa Pro Gly Ser Arg Phe Arg Arg Arg Phe Thr Glu Arg Lys Glu Ala  
 180 185 190  
 Ile Ser Asp Asn Lys Lys Glu Tyr Pro Val Asp Ile Ser Leu Pro Asp  
 195 200 205  
 Ile Asn Asn Gly Val Tyr Gly Thr Asp Asp Phe Arg Met Tyr Asn Phe  
 210 215 220  
 Lys Val Lys Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys  
 225 230 235 240  
 Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys  
 245 250 255  
 Tyr Pro Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Glu Phe Arg Lys Gly Thr Cys  
 260 265 270  
 Gln Lys Gly Asp Ser Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Ser Trp

ES 2 558 133 T3

		275					280				285				
Leu	His	Pro	Ala	Gln	Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys	Asp	Glu	Thr	Gly
	290					295					300				
Cys	Ala	Arg	Lys	Val	Cys	Phe	Phe	Ala	His	Lys	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg
305					310					315					320
Pro	Val	Tyr	Ala	Ser	Thr	Gly	Ser	Ala	Met	Pro	Ser	Pro	Lys	Ser	Tyr
				325					330					335	
Ser	Ala	Ser	Gly	Leu	Asp	Met	Thr	Ala	Met	Ser	Pro	Leu	Ala	Leu	Ser
			340					345					350		
Ser	Thr	Ser	Leu	Pro	Asn	Ala	Pro	Pro	Phe	Pro	Ala	Ser	Pro	Tyr	Arg
		355					360					365			
Ala	Pro	Ser	Phe	Phe	Ser	Gln	Ser	Glu	Ala	Val	Gln	Asn	Lys	Ile	Asn
	370					375					380				
Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Leu	Gln	Leu	Pro	Gly	Ser	Arg	Leu	Lys	Ala	Ala
385					390					395					400
Leu	Ser	Ala	Arg	Asp	Leu	Glu	Met	Glu	Met	Glu	Leu	Leu	Gly	Leu	Glu
				405				410						415	
Ser	Pro	Ala	Arg	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Leu	Ile	Glu	Glu
			420					425					430		
Ile	Ala	Arg	Ile	Ser	Ser	Pro	Ser	Phe	Arg	Ser	Lys	Glu	Phe	Asn	Arg
		435					440					445			
Ile	Val	Asp	Leu	Asn	Pro	Thr	Asn	Leu	Asp	Asp	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala
	450					455					460				
Asp	Pro	Ser	Val	Phe	Ser	Gln	Leu	His	Gly	Leu	Ser	Val	Gln	Pro	Ser
465					470					475					480
Thr	Pro	Thr	Gln	Ser	Gly	Leu	Gln	Met	Arg	Gln	Asn	Met	Asn	His	Leu
				485					490					495	
Arg	Ala	Ser	Tyr	Pro	Ser	Asn	Ile	Pro	Ser	Ser	Pro	Val	Arg	Lys	Pro
			500					505					510		
Ser	Ala	Phe	Gly	Phe	Asp	Ser	Ser	Ala	Ala	Val	Ala	Thr	Ala	Val	Met
		515					520					525			
Asn	Ser	Arg	Ser	Ala	Ala	Phe	Ala	Lys	Arg	Ser	Gln	Ser	Phe	Ile	Asp
	530					535					540				
Arg	Gly	Ala	Ala	Thr	His	His	Leu	Gly	Leu	Ser	Ser	Ala	Ser	Asn	Ser
545					550					555					560
Ser	Cys	Arg	Val	Ser	Ser	Thr	Leu	Ser	Asp	Trp	Ser	Ser	Pro	Thr	Gly
				565					570					575	
Lys	Leu	Asp	Trp	Gly	Val	Asn	Gly	Asp	Lys	Leu	Asn	Lys	Leu	Arg	Lys
			580					585					590		
Ser	Thr	Ser	Phe	Gly	Phe	Arg	Asn	Ser	Gly	Val	Thr	Ala	Ser	Pro	Ile
		595					600					605			
Ala	Gln	Pro	Glu	Phe	Gly	Ala	Glu	Pro	Asp	Val	Ser	Trp	Val	His	Ser
	610					615					620				
Leu	Val	Lys	Asp	Val	Pro	Ser	Glu	Arg	Ser	Glu	Ile	Phe	Gly	Ala	Glu
625					630					635					640
Lys	Gln	Gln	Tyr	Asp	Leu	Ser	Lys	Glu	Met	Leu	Pro	Pro	Trp	Met	Glu
				645					650					655	
Gln	Leu	Tyr	Ile	Glu	Gln	Glu	Gln	Met	Val	Ala					
			660					665							

<210> 32  
 <211> 2683  
 <212> ADN  
 <213> *Eucalyptus grandis*

5

<400> 32



ES 2 558 133 T3

gcaaaggtcg	atcaacttcc	ccctagaaaag	cgagtggtgga	gttgaagcct	gataaccaga	60
ggccgcctct	cgctctcgct	cgccccgctg	cgcttgctct	gctctccgcg	tgccaagggg	120
gtgttcctag	gtgctgaatc	tttccatgtg	tagcgggttca	aaaggggaag	gagagtgaat	180
tcgagaagca	gaggatgtcg	gccccgtcagt	tctcgatcct	gctcgagtta	tctgctgcgg	240
atgatctgac	gaactttaag	aaagcagttg	aggaagacgg	ctacgatatt	gatgagtcga	300
gcttgtggta	tggtaggagg	atcgggtcga	agaagattgg	gcttgaagag	agaactcccc	360
tcatgattgc	cgcgatgttc	ggcagtatgt	ccgtgctgga	ttatattatc	aagtctggcc	420
gggccaatgt	aaacaaggcg	tgtggttcag	atgggtctac	cgcgcttcac	tgtgctgcgg	480
ctgggtggctc	ggtacaatct	cctgaggtgg	tcaagctggt	gcttgattct	tcagcgaatg	540
ctaactccat	tgatgcgaat	gggaaacgag	cgggagacct	gatttctgag	gtctctgggt	600
cgcccttcaa	ttcgagaagg	aagactttgg	atgtcatggt	gactggagg	gggactgttg	660
agtttgttga	ggaaacttac	aatctgcctg	agaatctggg	tagtcaaatt	gaaggaaacg	720
aacaaagaga	gagtccaacg	gccccgcgct	ccaaggatgg	ttctgaaaag	aaagagtatc	780
ctgtcgacct	ttctcttccg	gacatcaaca	atggaatata	tagcacagat	gagtttagga	840
tgtattcttt	caaagtgaag	ccttgctcga	gagcttactc	tcatgactgg	actgagtgtc	900
catttgttca	ccctggggag	aatgcaagac	ggcgtgacct	acggaaatat	cactacagct	960
gtgtgccttg	ccctgagttc	cgcaaggggt	catgcaggca	aggggatggc	tgcgagtatg	1020
ctcatggtat	atttgagtgc	tggttccacc	cagctcaata	tcgcaccggt	ctctgtaagg	1080
atgagattgg	atgcaccaga	aaagtctggt	tctttgcccc	caaacatgaa	gagcttctgc	1140
cattgtatag	atcaactggt	tcggcgcttc	cttctccaag	atcattttcg	cccgttgctg	1200
cttctctaga	catgggatca	ctgagccctc	tctctctcgg	ttctcttcca	gtccggatcc	1260
cgccaacttc	aacaccacct	atgactccat	caggggcctc	ttctccccct	ggtgggtcga	1320
tgtggaaaag	ccaaattaat	agcactccgc	ctggcttgca	gcttccaggt	agcaggttga	1380
gaagcgcatt	gagtgtctaga	gacatggatt	tagatgttga	cttgatcgat	ctagaaaata	1440
attatcgttt	gcagaagcag	ttgctcgaac	actttctcga	tctgtcctct	cctcgtgggt	1500
ggaacaactc	ttcatccacc	acgtcggctt	tccttgagta	ttcaggtgac	atgactggag	1560
aaataagtag	gttaggagta	aaaccaaata	atctcgagga	tagtttcagg	tcattggacc	1620
tgacctcttt	gtctcagtta	caagggctgt	cacttgatgg	tgcaatatcc	cagctgcaat	1680
ctctactggt	aatgaagatt	cggcagaaca	tgaccacgca	gctctactca	aactatactg	1740
acaagctttc	ctcgtcacct	agggcaatgc	catcatttgg	aaccgatcct	tccagagctt	1800
cagcagcagc	cactctgagt	tccaggtcat	tggcatttgc	aaaaaggagc	cacagcttca	1860
ttgagcggag	tacagtgaac	agtcagttct	gatattcagc	aggtgctgct	tctccaactg	1920
caaggatgtc	ttcccagaat	gactggggct	cgccccgatg	caaactagac	tggggcattc	1980
aaggggagga	gctgaacaag	ctgaggaaat	ctgcatcatt	cgggctcagg	agcagcagca	2040
accgcttcca	tgctctgca	gattctgcga	cagcaactgt	aggggaccca	gacatgccct	2100
ggattcagtc	cttgccaaaag	gaagccccgt	cacaaaaccc	tggcaatttt	ggagcagagc	2160
atcagcagca	gcagcagcag	cagcagcagc	agcagtatca	tcttaattct	ggaggtactg	2220
agctgcttcc	agcttgggtg	gagcagttgt	acgcggatca	ggagcagatg	gtcgctgag	2280
atcaacattg	gcttcttacc	taaccactat	tagtcatttc	gttattgctt	taattttttt	2340
tcttctgagt	ctagtattaa	tgtctaggat	tcgaacgaac	tggaaaatta	aatctagagg	2400
gaagatggga	agaaaagagc	aggatggaag	gtttctgctc	ggtccgagat	ttctcatagt	2460
ctattataga	ctatcgtatt	tctcgttctt	ttccgtccca	atgttcttga	tttggttctc	2520
agcatgtttt	ctggatgagg	cttacaact	atgtaattct	gtcttgctaa	agaatcaga	2580
gctgcacctg	caccaaaggt	tgtgatacta	ccgcttattg	atgatgatga	taataataat	2640
aattcggaca	tttagtacca	agtccgatgt	ctcaaaaaaa	aaa		2683

<210> 33  
 <211> 694  
 <212> PRT  
 <213> *Eucalyptus grandis*  
 <400> 33

5

ES 2 558 133 T3

Met	Ser	Ala	Arg	Gln	Phe	Ser	Ile	Leu	Leu	Glu	Leu	Ser	Ala	Ala	Asp
1				5					10					15	
Asp	Leu	Thr	Asn	Phe	Lys	Lys	Ala	Val	Glu	Glu	Asp	Gly	Tyr	Asp	Ile
			20					25					30		
Asp	Glu	Ser	Ser	Leu	Trp	Tyr	Gly	Arg	Arg	Ile	Gly	Ser	Lys	Lys	Ile
		35					40					45			
Gly	Leu	Glu	Glu	Arg	Thr	Pro	Leu	Met	Ile	Ala	Ala	Met	Phe	Gly	Ser
	50					55					60				
Met	Ser	Val	Leu	Asp	Tyr	Ile	Ile	Lys	Ser	Gly	Arg	Ala	Asn	Val	Asn
65					70					75					80

ES 2 558 133 T3

Lys Ala Cys Gly Ser Asp Gly Ala Thr Ala Leu His Cys Ala Ala Ala  
 85 90 95  
 Gly Gly Ser Val Gln Ser Pro Glu Val Val Lys Leu Leu Leu Asp Ser  
 100 105 110  
 Ser Ala Asn Ala Asn Ser Ile Asp Ala Asn Gly Lys Arg Ala Gly Asp  
 115 120 125  
 Leu Ile Ser Glu Val Ser Gly Ser Pro Phe Asn Ser Arg Arg Lys Thr  
 130 135 140  
 Leu Asp Val Met Leu Thr Gly Gly Gly Thr Val Glu Phe Val Glu Glu  
 145 150 155 160  
 Thr Tyr Asn Leu Pro Glu Asn Leu Gly Ser Gln Ile Glu Gly Asn Glu  
 165 170 175  
 Gln Arg Glu Ser Pro Thr Ala Arg Ala Ser Lys Asp Gly Ser Glu Lys  
 180 185 190  
 Lys Glu Tyr Pro Val Asp Leu Ser Leu Pro Asp Ile Asn Asn Gly Ile  
 195 200 205  
 Tyr Ser Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val Lys Pro Cys  
 210 215 220  
 Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro  
 225 230 235 240  
 Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Tyr His Tyr Ser Cys  
 245 250 255  
 Val Pro Cys Pro Glu Phe Arg Lys Gly Ser Cys Arg Gln Gly Asp Gly  
 260 265 270  
 Cys Glu Tyr Ala His Gly Ile Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln  
 275 280 285  
 Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Glu Ile Gly Cys Thr Arg Lys Val  
 290 295 300  
 Cys Phe Phe Ala His Lys His Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Ala Ser  
 305 310 315 320  
 Thr Gly Ser Ala Leu Pro Ser Pro Arg Ser Phe Ser Pro Val Ala Ala  
 325 330 335  
 Ser Leu Asp Met Gly Ser Leu Ser Pro Leu Ser Leu Gly Ser Ser Ser  
 340 345 350  
 Val Arg Ile Pro Pro Thr Ser Thr Pro Pro Met Thr Pro Ser Gly Ala  
 355 360 365  
 Ser Ser Pro Leu Gly Gly Ser Met Trp Lys Ser Gln Ile Asn Ser Thr  
 370 375 380  
 Pro Pro Gly Leu Gln Leu Pro Gly Ser Arg Leu Arg Ser Ala Leu Ser  
 385 390 395 400  
 Ala Arg Asp Met Asp Leu Asp Val Asp Leu Ile Asp Leu Glu Asn Asn  
 405 410 415  
 Tyr Arg Leu Gln Lys Gln Leu Leu Glu His Phe Pro Asp Leu Ser Ser  
 420 425 430  
 Pro Arg Gly Trp Asn Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Ala Phe Pro Glu  
 435 440 445  
 Tyr Ser Gly Asp Met Thr Gly Glu Ile Ser Arg Leu Gly Val Lys Pro  
 450 455 460  
 Asn Asn Leu Glu Asp Ser Phe Arg Ser Leu Asp Leu Thr Leu Leu Ser  
 465 470 475 480  
 Gln Leu Gln Gly Leu Ser Leu Asp Gly Ala Ile Ser Gln Leu Gln Ser  
 485 490 495  
 Pro Thr Gly Met Lys Ile Arg Gln Asn Met Thr Gln Gln Leu Tyr Ser  
 500 505 510  
 Asn Tyr Thr Asp Lys Leu Ser Ser Ser Pro Arg Ala Met Pro Ser Phe  
 515 520 525  
 Gly Thr Asp Pro Ser Arg Ala Ser Ala Ala Ala Thr Leu Ser Ser Arg  
 530 535 540  
 Ser Leu Ala Phe Ala Lys Arg Ser His Ser Phe Ile Glu Arg Ser Thr

ES 2 558 133 T3

```

545                               550                               555                               560
Val Asn Ser Gln Ser Gly Tyr Ser Ala Gly Ala Ala Ser Pro Thr Ala
                               565                               570                               575
Arg Met Ser Ser Gln Asn Asp Trp Gly Ser Pro Asp Gly Lys Leu Asp
                               580                               585                               590
Trp Gly Ile Gln Gly Glu Glu Leu Asn Lys Leu Arg Lys Ser Ala Ser
                               595                               600                               605
Phe Gly Leu Arg Ser Ser Ser Asn Arg Phe His Ala Ser Ala Asp Ser
                               610                               615                               620
Ala Thr Ala Thr Val Gly Asp Pro Asp Met Pro Trp Ile Gln Ser Leu
625                               630                               635                               640
Ala Lys Glu Ala Pro Ser Gln Asn Pro Gly Asn Phe Gly Ala Glu His
                               645                               650                               655
Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Tyr His Leu Asn Ser
                               660                               665                               670
Gly Gly Thr Glu Leu Leu Pro Ala Trp Val Glu Gln Leu Tyr Ala Asp
                               675                               685
Gln Glu Gln Met Val Ala
690

```

<210> 34  
 <211> 2499  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 34

at tt t g a c c t	t a a g a a g a a a	g t g a c a a g g a	g a g g a a g a a g	a a g a a a a a a a	a c a t a a t t t g	60
a g g a a g a a g a	a a a a a a a t t c	g g a t t t g t t t	t t t c a a t a a a	t t g a c t a a t t	g a g t a c t c g t	120
t t a a a g g a a g	t g a a g a g c g g	t t t t t t g g t a	g t g g t g g t c g	a g a a a a g a g a	g a g t t t g t c t	180
c t g t g a c t c a	g a g t g a a a t c	a a t a g a g c g g	g a a a a g a t t g	t t g c t t t t t t	t t g c c a t g g g	240
a g t t g a t g a g	c t g t c t c a c c	t c a a a t t c t c	t c t t c t g c t a	g a a t c a t c a g	c c t g c a a t g a	300
t t t g t c c g g t	t t t a a g t c t c	t a g t t g a a g a	a g a a g g t c t t	g a g a g c a t t g	a t g g c t c t g g	360
t t t g t g g t a t	g g g a g g a g a t	t a g g a t c a a a	g a a g a t g g g t	t t t g a g g a g a	g g a c g c c t c t	420
t a t g a t t g c t	g c c t t g t t t g	g a a g c a a a g a	g g t t g t t g a t	t a c a t c a t t a	g t a c t g g t c t	480
t g t t g a c g t g	a a c c g c t c t t	g t g g c t c t g a	t g g t g c c a c g	g c t c t t c a c t	g t g c g g t c t c	540
t g g c t t g t c t	g c c a a t a g c c	t t g a g a t t g t	t a c t c t t c t g	c t g a a g g g c t	c t g c g a a t c c	600
g g a t t c t t g t	g a t g c t t a t g	g t a a c a a g c c	t g g a g a t g t g	a t t t t c c c t t	g t t t g a g t c c	660
g g t t t t t a g c	g c g a g g a t g a	a g g t t t t g g a	g c g t t t g t t g	a a a g g a a a t g	a t g a t t t g a a	720
t g a a g t t a a t	g g g c a a g a a g	a a a g c g a g c c	a g a g g t t g a g	g t t g a g g t t g	a g g t t t c g c c	780
t c c t c g g g g g	t c t g a g a g g a	a g g a g t a t c c	g g t t g a t c c a	a c g c t t c c t g	a t a t c a a g a a	840
c g g t g t a t a t	g g g a c g g a t g	a g t t c c g g a t	g t a t g c t t t c	a a g a t c a a g c	c g t g c t c t a g	900
a g c a t a c t c t	c a c g a c t g g a	c g g a a t g t c c	c t t t g t t c a t	c c g g g t g a g a	a c g c a a g g a g	960
g c g t g a t c c g	a g g a a g t a c c	a t t a t a g t t g	t g t c c c t t g t	c c t g a a t t c c	g g a a g g g g t c	1020
t t g t t c c a g a	g g t g a t a c t t	g c g a g t a t g c	t c a t g g t a t c	t t t g a g t g c t	g g c t t c a c c c	1080
g g c t c a g t a c	c g g a c t c g t c	t c t g c a a g g a	c g a g a c g a a t	t g c t c g a g a a	g a g t t t g t t t	1140
c t t t g c c c a c	a a a c c c g a g g	a g c t g c g t c c	t t t g t a c c c t	t c a a c t g g a t	c a g g t g t t c c	1200
g t c c c c g c g g	t c t t c e t t e t	c a t c t t g c a a	t t c c t e g a c c	g e t t t c g a c a	t g g g a c c g a t	1260
t a g t c c g c t t	c c t a t c g g a g	c a a c a a c c a c	a c c t c e t t t g	a g t c c t a a c g	g t g t a t c e t c	1320
t c c a a t a g g t	g g a g g a a a a a	c g t g g a t g a a	c t g g c c t a a c	a t a a c c c c t c	c t g c a t t g c a	1380
g c t t c c a g g g	a g c a g a t t g a	a a t c t g c a t t	g a a t g c a a g a	g a a a t c g a t t	t c t c t g a a g a	1440
g a t g c a a a g t	c t t a c t t c t c	c a a c t a c a t g	g a a c a a c a c g	c c a a t g t c a t	c t c c a t t c t c	1500
c g g a a a g g g c	a t g a a c a g g c	t t g c a g g a g g	a g c a a t g a g c	c e g g t g a a t a	g t c t c a g t g a	1560
t a t g t t t g g g	a c a g a g g a t a	a t a c a t e g g g	t t t g c a g a t c	c g a c g c a g c g	t c a t t a a c c c	1620
g c a g c t g c a t	t c c a a c a g t c	t t t c t t c a t c	a c c t g t g g g a	g c c a a t t c t c	t g t t t t c g a t	1680
g g a t t c c t c c	g c a g t c t t g g	c t t c a a g a g c	g g c t g a a t t t	g c t a a a c a g c	g a a g c c a a a g	1740
c t t c a t a g a a	c g c a a c a a c g	g a c t g a a t c a	c c a t c c c g c a	a t c t c t t c c a	t g a c t a c a a c	1800
t t g t t t a a a c	g a t t g g g g c t	c a t t g g a t g g	g a a g c t t g a c	t g g a g c g t c c	a a g g a g a c g a	1860
g c t a c a g a a g	c t c a g a a a a t	c c a c t t c t t t	c e g t e t c a g a	g c c g g t g g c a	t g g a a t c a a g	1920
a c t g c c t a a c	g a a g g g a c t g	g g c t c g a a g a	g c c a g a t g t c	t c a t g g g t g g	a g c c g c t g g t	1980
g a a a g a g c c a	c a g g a g a c a a	g a c t a g c t c c	g g t t t g g a t g	g a g c a a t c a t	a c a t g g a g a c	2040
a g a a c a g a c c	g t g g c t t g a a	t c a a a a g t t t	t g a a c t t t c a	t t a a c c g t t c	c a c a a g a a g c	2100
a a a g t c a g a a	a g a t t c c g a g	a g g t c g a t g c	t a a t c t a t t t	c a t t t t a t t t	g t t t a a t g c t	2160
t t g t t a t t t t	t c t t t a g a a t	a a a a a g a a a a	a a t t c t t a g g	g g a c a a a a g a	g a g t t c g t t t	2220
g t c t c t c t c t	c t g t c t c c a a	a g a a a a a c a g	a g g t g a a a a a	a g g t t t c a a a	a c c t a a g a a a	2280
c c t t g a a t t a	c c t c a c e t c a	c t t c e t t g a t	t c t t t a c t a t	t c a c a a t g a g	t a a t c g a t t t	2340
t t t t t t t t c t	t g g t a a c a c t	c t c a c e t g t a	a t a t a t a t g t	t t t t t a g t a a	t a a t a t a a t t	2400
g g a a t a c a g a	a a t g t a t t t a	c a c t t g t g a a	g t t a g g g a a a	g t g t t g t a a t	t g t t t c t t c t	2460
a a g a g t t g a t	c t a a g a t g t t	t g a g a c t a t a	t c t t c g c t t			2499

<210> 35

<211> 607

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 35

ES 2 558 133 T3

Met Gly Val Asp Glu Leu Ser His Leu Lys Phe Ser Leu Leu Leu Glu  
 1 5 10 15  
 Ser Ser Ala Cys Asn Asp Leu Ser Gly Phe Lys Ser Leu Val Glu Glu  
 20 25 30  
 Glu Gly Leu Glu Ser Ile Asp Gly Ser Gly Leu Trp Tyr Gly Arg Arg  
 35 40 45  
 Leu Gly Ser Lys Lys Met Gly Phe Glu Glu Arg Thr Pro Leu Met Ile  
 50 55 60  
 Ala Ala Leu Phe Gly Ser Lys Glu Val Val Asp Tyr Ile Ile Ser Thr  
 65 70 75 80  
 Gly Leu Val Asp Val Asn Arg Ser Cys Gly Ser Asp Gly Ala Thr Ala  
 85 90 95  
 Leu His Cys Ala Val Ser Gly Leu Ser Ala Asn Ser Leu Glu Ile Val  
 100 105 110  
 Thr Leu Leu Leu Lys Gly Ser Ala Asn Pro Asp Ser Cys Asp Ala Tyr  
 115 120 125  
 Gly Asn Lys Pro Gly Asp Val Ile Phe Pro Cys Leu Ser Pro Val Phe  
 130 135 140  
 Ser Ala Arg Met Lys Val Leu Glu Arg Leu Leu Lys Gly Asn Asp Asp  
 145 150 155 160  
 Leu Asn Glu Val Asn Gly Gln Glu Glu Ser Glu Pro Glu Val Glu Val  
 165 170 175  
 Glu Val Glu Val Ser Pro Pro Arg Gly Ser Glu Arg Lys Glu Tyr Pro  
 180 185 190  
 Val Asp Pro Thr Leu Pro Asp Ile Lys Asn Gly Val Tyr Gly Thr Asp  
 195 200 205  
 Glu Phe Arg Met Tyr Ala Phe Lys Ile Lys Pro Cys Ser Arg Ala Tyr  
 210 215 220  
 Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala  
 225 230 235 240  
 Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Tyr His Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro  
 245 250 255  
 Glu Phe Arg Lys Gly Ser Cys Ser Arg Gly Asp Thr Cys Glu Tyr Ala  
 260 265 270  
 His Gly Ile Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg  
 275 280 285  
 Leu Cys Lys Asp Glu Thr Asn Cys Ser Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala  
 290 295 300  
 His Lys Pro Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Pro Ser Thr Gly Ser Gly  
 305 310 315 320  
 Val Pro Ser Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Cys Asn Ser Ser Thr Ala  
 325 330 335  
 Phe Asp Met Gly Pro Ile Ser Pro Leu Pro Ile Gly Ala Thr Thr Thr

			340					345				350			
Pro	Pro	Leu	Ser	Pro	Asn	Gly	Val	Ser	Ser	Pro	Ile	Gly	Gly	Gly	Lys
		355					360					365			
Thr	Trp	Met	Asn	Trp	Pro	Asn	Ile	Thr	Pro	Pro	Ala	Leu	Gln	Leu	Pro
	370					375					380				
Gly	Ser	Arg	Leu	Lys	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala	Arg	Glu	Ile	Asp	Phe	Ser
385					390					395					400
Glu	Glu	Met	Gln	Ser	Leu	Thr	Ser	Pro	Thr	Thr	Trp	Asn	Asn	Thr	Pro
			405						410					415	
Met	Ser	Ser	Pro	Phe	Ser	Gly	Lys	Gly	Met	Asn	Arg	Leu	Ala	Gly	Gly
			420					425					430		
Ala	Met	Ser	Pro	Val	Asn	Ser	Leu	Ser	Asp	Met	Phe	Gly	Thr	Glu	Asp
	435						440					445			
Asn	Thr	Ser	Gly	Leu	Gln	Ile	Arg	Arg	Ser	Val	Ile	Asn	Pro	Gln	Leu
	450					455					460				
His	Ser	Asn	Ser	Leu	Ser	Ser	Ser	Pro	Val	Gly	Ala	Asn	Ser	Leu	Phe
465					470					475					480
Ser	Met	Asp	Ser	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Arg	Ala	Ala	Glu	Phe	Ala
			485						490					495	
Lys	Gln	Arg	Ser	Gln	Ser	Phe	Ile	Glu	Arg	Asn	Asn	Gly	Leu	Asn	His
			500					505					510		
His	Pro	Ala	Ile	Ser	Ser	Met	Thr	Thr	Thr	Cys	Leu	Asn	Asp	Trp	Gly
	515						520					525			
Ser	Leu	Asp	Gly	Lys	Leu	Asp	Trp	Ser	Val	Gln	Gly	Asp	Glu	Leu	Gln
	530					535					540				
Lys	Leu	Arg	Lys	Ser	Thr	Ser	Phe	Arg	Leu	Arg	Ala	Gly	Gly	Met	Glu
545					550					555					560
Ser	Arg	Leu	Pro	Asn	Glu	Gly	Thr	Gly	Leu	Glu	Glu	Pro	Asp	Val	Ser
				565					570					575	
Trp	Val	Glu	Pro	Leu	Val	Lys	Glu	Pro	Gln	Glu	Thr	Arg	Leu	Ala	Pro
			580					585					590		
Val	Trp	Met	Glu	Gln	Ser	Tyr	Met	Glu	Thr	Glu	Gln	Thr	Val	Ala	
		595					600						605		

<210> 36  
 <211> 1806  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 36

ES 2 558 133 T3

atgtgctctg	ggccgcgcaa	gccgtccaca	ccgcgcctgc	cgcagcagca	gaaggaggcg	60
acggtgatgg	cggcgtcctt	gcttcttgag	ctggcggcag	cggacgacgt	ggcggcggtg	120
aggagggtcg	tggaggagga	gaagggtgtct	cttggcgtgg	ctgggttgtg	gtatgggcct	180
tcggcgcgag	gcgtggcgag	gctcgggatg	gagcggagga	cggcggcgat	ggtggcggcg	240
ctgtacggga	gcacgggggt	gcttgggtat	gtcgtggcgg	cagcgcggc	ggaggccgcg	300
cgcgcgtcgg	agacggatgg	ggccacgcgg	ctgcacatgg	cggctgcggg	tggcgcggcg	360
aacgcggtcg	cggccacgcg	cctgttgctc	gccgcggggg	cgtcggtcga	cgcgctctcg	420
gcttcggggc	tccgcgcggg	tgacctctc	ccgcgcgcca	ccgcggcggg	gaaggccatc	480
cggctgctgc	tcaagtgcgc	ggcgcgtgctg	ccgtcgtcgt	cgccgaagaa	gtcggcctcg	540
ccgcgcgtgc	cgcgcgcggc	gcaggaggcg	aagaaggagt	acccgcctga	cctgacgctg	600
ccgcacctca	agagcggact	gttcagcacc	gacgagttcc	gcatgtacag	cttcaagggtg	660
aagccgtgct	ccgcgcctca	ctcccatgac	tggaccgagt	gccccttcgt	ccaccccggc	720
gagaacgcgc	gccgcgcgga	ccctcgcgcg	tactcctaca	gctgcgtgcc	ttgcccggag	780
ttccgcaagg	gcggctcgtg	ccgcaagggc	gacgcgtcgc	agtacgcca	tggcgtgttc	840
gagtgcctgg	tccacccggc	gcagtacagg	acgcgcctct	gcaaggacga	ggtcggctgc	900
gcgcgcgcga	tctgcttctt	cgcccacaag	ccgcgcgagc	tccgcgcctg	caacccctcc	960
gccgtgtccg	tcggcatgca	gcccaccgta	tcgtcgcgcg	gctcctcgcc	gcccacgggg	1020
ctcgacatgg	cggcggcggc	ggcggcgatg	atgagccccg	cctggccgctc	gtccccagcg	1080
agccgcctca	agacggcgct	cggcgcgcgg	gagctcgact	tcgacctcga	gatgctcgcg	1140

ctggaccagt	accagcagaa	gctgttcgac	aagggtgtccg	gcgcgcctgc	gccgagggcg	1200
agctggggcg	ccgcggcgaa	cggcctcgcc	accgcgtcgc	cggcgcgggg	cgtgccggac	1260
tacaccgacc	tgctcggctc	cgtcgaccgg	gccatgctgt	cccagctcca	cgcgctgtcc	1320
ctcaagcagg	ccggcgacat	gcccgcgtac	agctocatgg	cggacaccac	gcagatgcac	1380
atgccgacct	cgcgcgatgg	gggcggcgcg	aacaccgcgt	tcgggctgga	ccactccatg	1440
gcgaaggcga	tcatgagctc	ccgcgcctcg	gcgttcgccca	agcgcagcca	gagcttcatc	1500
gaccgcggag	gccgcgcccc	ggcggcgcgt	tcgtcctatgt	cgcgcggcgc	gaccggcgcg	1560
ccgtccattc	tctcggactg	gggctcgcgg	gacggcaagc	tggactgggg	cgtccagggc	1620
gacgagctgc	acaagctccg	caagtccggg	tcgttcgcgt	tccgcggcca	atccgccatg	1680
ccggtggcga	cgcacgcggc	ggcggcggag	ccggacgtgt	catgggtgaa	ctctcttctc	1740
aaggacggcc	acgcgcgcgg	cgacatattc	gcgcagtgcc	cggagcagga	gcagatgggtg	1800
gcatga						1806

<210> 37  
 <211> 601  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*  
  
 <400> 37

5



ES 2 558 133 T3

Met	Cys	Ser	Gly	Pro	Arg	Lys	Pro	Ser	Thr	Pro	Pro	Leu	Pro	Gln	Gln
1				5					10					15	
Gln	Lys	Glu	Ala	Thr	Val	Met	Ala	Ala	Ser	Leu	Leu	Leu	Glu	Leu	Ala
			20					25					30		
Ala	Ala	Asp	Asp	Val	Ala	Ala	Val	Arg	Arg	Val	Val	Glu	Glu	Glu	Lys
		35					40					45			
Val	Ser	Leu	Gly	Val	Ala	Gly	Leu	Trp	Tyr	Gly	Pro	Ser	Ala	Ser	Gly
	50					55					60				
Val	Ala	Arg	Leu	Gly	Met	Glu	Arg	Arg	Thr	Ala	Ala	Met	Val	Ala	Ala
65					70					75					80
Leu	Tyr	Gly	Ser	Thr	Gly	Val	Leu	Gly	Tyr	Val	Val	Ala	Ala	Ala	Pro
				85					90					95	
Ala	Glu	Ala	Ala	Arg	Ala	Ser	Glu	Thr	Asp	Gly	Ala	Thr	Pro	Leu	His
			100					105					110		
Met	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Ala	Ala	Asn	Ala	Val	Ala	Ala	Thr	Arg	Leu
		115					120					125			
Leu	Leu	Ala	Ala	Gly	Ala	Ser	Val	Asp	Ala	Leu	Ser	Ala	Ser	Gly	Leu
	130					135					140				
Arg	Ala	Gly	Asp	Leu	Leu	Pro	Arg	Ala	Thr	Ala	Ala	Glu	Lys	Ala	Ile
145					150					155					160
Arg	Leu	Leu	Leu	Lys	Ser	Pro	Ala	Val	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Pro	Lys
				165					170					175	
Lys	Ser	Ala	Ser	Pro	Pro	Ser	Pro	Pro	Pro	Pro	Gln	Glu	Ala	Lys	Lys
			180					185					190		
Glu	Tyr	Pro	Pro	Asp	Leu	Thr	Leu	Pro	Asp	Leu	Lys	Ser	Gly	Leu	Phe
		195					200					205			
Ser	Thr	Asp	Glu	Phe	Arg	Met	Tyr	Ser	Phe	Lys	Val	Lys	Pro	Cys	Ser
	210					215					220				
Arg	Ala	Tyr	Ser	His	Asp	Trp	Thr	Glu	Cys	Pro	Phe	Val	His	Pro	Gly
225					230					235					240
Glu	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Asp	Pro	Arg	Arg	Tyr	Ser	Tyr	Ser	Cys	Val
			245						250					255	
Pro	Cys	Pro	Glu	Phe	Arg	Lys	Gly	Gly	Ser	Cys	Arg	Lys	Gly	Asp	Ala
			260					265					270		
Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly	Val	Phe	Glu	Cys	Trp	Leu	His	Pro	Ala	Gln
		275					280					285			
Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys	Asp	Glu	Val	Gly	Cys	Ala	Arg	Arg	Ile
	290					295					300				
Cys	Phe	Phe	Ala	His	Lys	Pro	Asp	Glu	Leu	Arg	Ala	Val	Asn	Pro	Ser
305					310					315					320

Ala Val Ser Val Gly Met Gln Pro Thr Val Ser Ser Pro Arg Ser Ser  
 325 330 335  
 Pro Pro Asn Gly Leu Asp Met Ala Ala Ala Ala Ala Ala Met Met Ser  
 340 345 350  
 Pro Ala Trp Pro Ser Ser Pro Ala Ser Arg Leu Lys Thr Ala Leu Gly  
 355 360 365  
 Ala Arg Glu Leu Asp Phe Asp Leu Glu Met Leu Ala Leu Asp Gln Tyr  
 370 375 380  
 Gln Gln Lys Leu Phe Asp Lys Val Ser Gly Ala Pro Ser Pro Arg Ala  
 385 390 395 400  
 Ser Trp Gly Ala Ala Ala Asn Gly Leu Ala Thr Ala Ser Pro Ala Arg  
 405 410 415  
 Ala Val Pro Asp Tyr Thr Asp Leu Leu Gly Ser Val Asp Pro Ala Met  
 420 425 430  
 Leu Ser Gln Leu His Ala Leu Ser Leu Lys Gln Ala Gly Asp Met Pro  
 435 440 445  
 Ala Tyr Ser Ser Met Ala Asp Thr Thr Gln Met His Met Pro Thr Ser  
 450 455 460  
 Pro Met Val Gly Gly Ala Asn Thr Ala Phe Gly Leu Asp His Ser Met  
 465 470 475 480  
 Ala Lys Ala Ile Met Ser Ser Arg Ala Ser Ala Phe Ala Lys Arg Ser  
 485 490 495  
 Gln Ser Phe Ile Asp Arg Gly Gly Arg Ala Pro Ala Ala Arg Ser Leu  
 500 505 510  
 Met Ser Pro Ala Thr Thr Gly Ala Pro Ser Ile Leu Ser Asp Trp Gly  
 515 520 525  
 Ser Pro Asp Gly Lys Leu Asp Trp Gly Val Gln Gly Asp Glu Leu His  
 530 535 540  
 Lys Leu Arg Lys Ser Ala Ser Phe Ala Phe Arg Gly Gln Ser Ala Met  
 545 550 555 560  
 Pro Val Ala Thr His Ala Ala Ala Ala Glu Pro Asp Val Ser Trp Val  
 565 570 575  
 Asn Ser Leu Val Lys Asp Gly His Ala Ala Gly Asp Ile Phe Ala Gln  
 580 585 590  
 Trp Pro Glu Gln Glu Gln Met Val Ala  
 595 600

<210> 38  
 <211> 1692  
 <212> ADN  
 <213> *Hordeum vulgare*

5

<400> 38

ES 2 558 133 T3

cggcacgagg	cacatccatc	atctaacctc	acctctcctc	tcttccccctc	tcttctctacc	60
aaacccaaaa	ccaagcagag	caagagcaag	agcaagagca	agagcaagca	agcatgtgcc	120
ctggcctgcg	caacctcgcc	gcccgcctgc	cacctctcgc	ccacgaccac	ccctctctct	180
acctgctcga	gctcgcgcgc	gacgacgacc	tccccgcctt	cgcgcgcgcc	gtccaggagg	240
acaacctctc	cctcgcgcgc	gcatccccga	ggtacgagcc	atcccccaaa	tcagaccaac	300
aacaacaaca	cgccccagct	cgcgctccac	ctgcgcaccc	cgcgcctggt	cgcgcgcctc	360
tacggcagca	ccaccgtcct	ctctacgtc	ctctccatcg	ccccctccga	ggccgcccgc	420
gctcctcgc	cgcacggcgc	caccccgcctc	ctctctcgc	accagggccg	cgcgcctacc	480
gcgccccacg	ccgcacgcct	cctctctcacc	gacggcgcct	catcgtctctc	cctactcgcg	540
ccccaaagctc	acctctctcaa	ccaccaaacc	caaaacccaaa	acagccccac	caagaaagac	600
tcgcccgcgg	actccaggag	gaccaccacc	aagaaggact	actctctcgc	ctccgactcc	660
cagacggagg	acatcaacgc	ggcgctcttc	gccaccgacg	acttccggat	gtacagcttc	720
aagggtgaacc	cgtgctcccg	cgcctacacg	cacgactgga	ccgagtgcctc	cttcgcccac	780
cccggcgaga	acgcgcgcgc	ccgcgacccg	cgcgcgcctc	catactcgtg	cgtcccatgc	840
ccggacttcc	gcgcgcgacc	ggccgcctgc	cgcgaaggcg	acgcctcgcga	gtacgcgcac	900
ggcgtcttcg	agtcctggct	ccaccccgcg	cagtaccgca	ccaggctctg	caaggacgag	960

gtccgatgcc	cgcgcgcctc	ctgcttcttc	gcgcacggcg	cccgcacagct	acgcgcgcctc	1020
aaacccctccg	ccgcctccat	ggactcgcga	tcccccaactt	cctctctcgc	gcccgcgaacc	1080
tccaggcccg	cgcgcctcac	cgcgcctcctc	agctcgcggg	acctcgcactt	ggacgcgcgac	1140
aaccaggccc	agtacgcgcg	caggatgatg	atggccaggg	ccaactcccc	gcccgcctac	1200
tcgcccgcacc	tcgctcgcgc	ctacgtacag	gcgcctctctc	ccctgcaaca	gcagcagcat	1260
cagcagaacc	agcaacagca	gcatcagcag	cagaaccagc	accagcagca	acatcagcag	1320
aaccagcacc	agcagcatca	gcagcaacat	cagcagagca	tggggatggg	ggggctgagc	1380
gcccgcgcgc	ccgccttccac	caaccgcagc	cagacctctc	tgcaaccgctc	tccgtccccg	1440
gctccggcgc	ggtcgttcaa	gtctccggcg	ccgtcgtcca	tgcctcgcgga	ctggggggtcg	1500
ccggacggga	agctggactg	ggcgctgcag	gcgcgcggagc	tgcgcaagtc	cacgtctttc	1560
ggagtccagaa	gcagcagcag	gccgcctcat	gagacgacga	gggcggaggga	caacatgtac	1620
ccgtcgtgga	tgaaggacgg	cagcgatatg	ctgctggcgg	cgcgggtggtc	ggacctggag	1680
cagatggctcg	cc					1692

<210> 39  
 <211> 564  
 <212> PRT  
 <213> *Hordeum vulgare*

5

<400> 39

ES 2 558 133 T3

Arg His Glu Ala His Pro Ser Ser Asn Leu Thr Ser Pro Leu Leu Pro  
 1 5 10 15  
 Ser Pro Pro Thr Lys Pro Lys Thr Lys Gln Ser Lys Ser Lys Ser Lys  
 20 25 30  
 Ser Lys Ser Lys Gln Ala Cys Ala Leu Ala Cys Ala Thr Ser Pro Pro  
 35 40 45  
 Pro Cys His Pro Pro Pro Thr Thr Thr Pro Pro Pro Thr Cys Ser Ser  
 50 55 60  
 Ser Pro Pro Thr Thr Thr Ser Pro Pro Ser Ala Ala Pro Ser Arg Arg  
 65 70 75 80  
 Thr Thr Ser Pro Ser Thr Pro His Pro Arg Gly Thr Ser His Pro Pro  
 85 90 95  
 Asn Gln Thr Asn Asn Asn Asn Thr Pro Gln Leu Ala Leu His Leu Arg  
 100 105 110  
 Thr Pro Ala Met Val Ala Ala Leu Tyr Gly Ser Thr Thr Val Leu Ser  
 115 120 125  
 Tyr Val Leu Ser Ile Ala Pro Ser Glu Ala Ala Arg Ala Ser Ala Ser  
 130 135 140  
 Asp Gly Ala Thr Pro Leu Leu Leu Ala His Gln Gly Arg Ala Pro Ser  
 145 150 155 160  
 Ala Pro His Ala Ala Arg Leu Leu Leu Thr Asp Gly Ala Ser Ser Ser  
 165 170 175  
 Ser Leu Leu Ala Pro Gln Ala His Pro Leu Asn His Gln Asn Gln Asn  
 180 185 190  
 Gln Asn Ser Pro Thr Lys Lys Asp Ser Pro Pro Asp Ser Arg Arg Thr  
 195 200 205  
 Thr Thr Lys Lys Asp Tyr Ser Ser Ala Ser Asp Ser Gln Thr Glu Asp  
 210 215 220  
 Ile Asn Ala Gly Val Phe Ala Thr Asp Asp Phe Arg Met Tyr Ser Phe  
 225 230 235 240  
 Lys Val Asn Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Thr His Asp Trp Thr Glu Cys  
 245 250 255  
 Pro Phe Ala His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Arg  
 260 265 270  
 Val Pro Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Asp Phe Arg Arg Asp Pro Ala  
 275 280 285  
 Ala Cys Arg Lys Gly Asp Ala Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu  
 290 295 300  
 Ser Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Glu

305					310					315					320
Val	Gly	Cys	Pro	Arg	Arg	Ile	Cys	Phe	Phe	Ala	His	Gly	Ala	Arg	Gln
				325					330					335	
Leu	Arg	Ala	Val	Asn	Pro	Ser	Ala	Ala	Ser	Met	Asp	Ser	Pro	Ser	Pro
			340				345						350		
Thr	Ser	Ser	Ser	Pro	Pro	Arg	Thr	Ser	Arg	Pro	Ala	Ala	Leu	Thr	Ala
		355				360						365			
Ser	Leu	Ser	Ser	Arg	Asp	Leu	Asp	Leu	Asp	Ala	Asp	Asn	Gln	Ala	Gln
	370					375					380				
Tyr	Ala	Arg	Arg	Met	Met	Met	Ala	Arg	Ala	Asn	Ser	Pro	Pro	Asp	Tyr
385					390					395					400
Ser	Pro	Asp	Leu	Val	Ala	Ala	Tyr	Val	Gln	Ala	Leu	Ser	Ser	Leu	Gln
				405					410					415	
Gln	Gln	Gln	His	Gln	Gln	Asn	Gln	Gln	Gln	Gln	His	Gln	Gln	Gln	Asn
			420					425						430	
Gln	His	Gln	Gln	Gln	His	Gln	Gln	Asn	Gln	His	Gln	Gln	His	Gln	Gln
		435					440						445		
Gln	His	Gln	Gln	Ser	Met	Gly	Met	Gly	Gly	Leu	Ser	Ala	Arg	Ala	Ala
	450					455					460				
Ala	Phe	Thr	Asn	Arg	Ser	Gln	Thr	Phe	Val	His	Arg	Ser	Pro	Ser	Pro
465					470					475					480
Ala	Pro	Ala	Arg	Ser	Phe	Lys	Ser	Pro	Ala	Pro	Ser	Ser	Met	Leu	Ala
				485					490					495	
Asp	Trp	Gly	Ser	Pro	Asp	Gly	Lys	Leu	Asp	Trp	Gly	Val	Gln	Ala	Ala
			500					505					510		
Glu	Leu	Arg	Lys	Ser	Thr	Ser	Phe	Gly	Val	Arg	Ser	Ser	Ser	Arg	Pro
		515					520					525			
His	His	Glu	Thr	Thr	Arg	Ala	Glu	Asp	Asn	Met	Tyr	Pro	Ser	Trp	Met
	530					535					540				
Lys	Asp	Gly	Ser	Asp	Met	Leu	Leu	Ala	Ala	Arg	Trp	Ser	Asp	Leu	Glu
545					550					555					560
Gln	Met	Val	Ala												

<210> 40  
 <211> 3610  
 <212> ADN  
 <213> *Pinus radiata*

5

<400> 40

tgtttccagg	cgggcactaa	agcaagggag	gggtaggct	ttactttctg	ctctgcgcaa	60
agaacgttga	aatcaatcgc	cctggctggt	ctggcgtgac	tactagattc	aatttcttca	120
tgccgctcct	cacataccca	ttctttaccg	gttcagagct	gtgatcttta	tttttaacag	180
ccacaatcat	ggtttgtggt	tccagtgtta	tgatctgagt	gaagttcgtt	ctttttctcg	240
tgaccaggc	ttgatactag	gccggacctt	tctgaggtgg	aagagatcta	tacatttgag	300
gcctattttg	tgtagccatg	tgtggaggcc	cagaacattt	gaagcctgcc	agccccacag	360
aaggagaaga	taaagtcaaa	atggccgaga	atcagttctat	caaagtgaag	gaattgtctg	420
aatcttgttc	aagtctacat	gaactagctg	ctaataatga	ccttattggc	tttaagaaag	480
caatggagga	agaaggggtca	aagatagatg	aggttaactt	ttggtacggg	aggcagaatg	540
gttctaataca	gatggctcctg	gagcaaagga	ctccattgat	ggttgctgca	ctttatggca	600
gtgtagatgc	gctgagttac	atcttatcca	tttatgtaac	ttgtggagca	gatgttaacc	660
aagcctgtgg	gtcagataaac	tccactgcct	tgcattgtgc	ggctgtggga	gggtctgcct	720
gtgcagttga	aactgtaaaa	ttgttacttc	atgcaggcag	tgatgtgaat	cgcttggatg	780
cttatggcag	aagaccagca	gatgtgatta	tggtttctcc	taagctaacc	gaaatcaagg	840
ccaagctaga	agaaatgtta	aacgcagctg	gttcatgtca	aacttctccg	gcaaagttgc	900
ctaacatagt	ttcagggcca	cctgggtttg	agtcaaaggg	gatggagtcc	atgtccccat	960
tgccattggt	gcctctttca	ttgtcttttag	aagcatccaa	taatagatca	ggttgtgtga	1020
attctccaac	atcttcgcca	aagtccatgg	aagcattaaa	gggtttcggg	gatgttaatg	1080
agaagaagga	atatcctgtg	gacccttctt	ttccagacat	aaagaatagc	atctatacta	1140

10

cagatgaatt tcggatgttt tccttcaagg tgcggccatg ttcacgggca tattctcatg 1200  
 attggactga atgcccattt gtgcatacctg gtgaaaatgc cagaaggcgg gatccaagaa 1260  
 ggtatcatta tagctgtggt ccttgcccag attttcggaa agggacttgt aggcgcagtg 1320  
 atgtttgtga atatgcacac ggtgtttttg agtgcctggt acatcctgct caatatagga 1380  
 cacggttgtg caaagatggg actaattggt cacgtagagt ttgcttcttt gctcacacat 1440  
 ctgaggaact acgcccctctc attgtctcta ctgggtctgc tgttccatcc ccaagggcat 1500  
 catcatctct ggacatgaca tctgtcatga gtccctcttg ccttggttct cctctctcag 1560  
 tttcaatgat gtcacccttc ctatcaaate ctcagcaagg cagtgtgctt actccgccta 1620  
 tgtctccatc agcgtcctct gtaaattgat atggaggctg gccacagcct aatgtaccaa 1680  
 ccttacacct tectggtagc aatgttcaaa ccagccgtct tagagcggaa cttaatgcca 1740  
 gagacatgcc tgttgaggat tctcctcgaa tttcagacta tgaagggcag caactcctga 1800  
 atgatttttc tccactgtcc acacaagcca ggctgaatgc tgcctgctgct gttatatctg 1860  
 gtggcgggaa caccacaaca aggtctggaa aatacaagag tcacgggatc aatactgttg 1920  
 ctccaacgaa tcttgaagac ttgtttgcct ccgaggtaac atctcctaga gtagcagttc 1980  
 ttgaaccttc catcttttct cagatgagtc cccaaatgca agctcataag actgcccagg 2040  
 catatagca gattcaaaac cagatgctgc ctctataaa tacacaggca ttttcgcagg 2100  
 gaattacaca gatgcagcag gctgcaatag agcctcagag ccctggacat tctttgatgc 2160  
 aatcaccttt ccaatcttcc tcgtatgggt tgggatcccc tggtagaatg tcacctcggt 2220  
 gtgtggatgt ggaacgctat aatacatgtg ggtctccctt atcacccgct atggctgcaa 2280  
 cgataaattc aagaatggct atggctgctt ttgttcagag ggaaaaacgg agccatagtt 2340  
 cccgtgactt gggagctaat gtgaatccca gttcatggtc tgattggggc tcgcctacag 2400  
 gtaaagtga ctgggggggt caaggagaag agttgagcaa attaagaaag tcggcttcat 2460  
 ttggtccccg cagttatgaa gaaccggatt tgccttgggt tcaaactctg gtaaaggaaa 2520  
 ctacaccaga gggtaaagat ggaggaaatg taagctgttc tggggaaact ccacacaagg 2580  
 ggcaaataga aaatgttgat cattcagttt tgggtgcctg gattgaacag atgcagcttg 2640  
 atcagattgt agcttgagat taggattatt tatttggagt ggtggtaggg ataggctcat 2700  
 ttaaaattca atttctcatt ttttactatt tctttataa aaattcccca ttatagttta 2760  
 ggaaatagtc tggttttcta cctattatca gaattacacc tgcaggaaat tttggaggaa 2820  
 agcatgcaaa aagtagatag ggatgttatt cctatcagca ggttgacaag ctgaaaatca 2880  
 cttgggtggt agaccagaga atgacactat tttttgttga catggcaact gaagatgctg 2940  
 ttttctttac ttatcattaa caaccctata tatatttgtt ttgaaagaac tgagcggaga 3000  
 aatgttgctc gttgggttact ctgcgcaagg ccttggaaga aatccaagat gtggcatctt 3060  
 ggtgcatttt taatttatca agtgtgaaat ccataacagg tttcagtgag tgacttctga 3120  
 ggttgatata ggaaaaacct atgatgttgg ctgtctactg ctatttttct gtgcctaaac 3180  
 tgtcaactaa agtttgacag tggcaatttt gtggcagcat atttgacat tgaagcggat 3240  
 ggtctgcacc tgctatagaa gttttcagat ctgtagaatt tgatggtgca agatgatttt 3300  
 ctagttgata tatttggag gctttgccaa agtagtggca tgtacatttt gcaaaaattt 3360  
 aaaggatggc aatccattgt tttgccatgt agcttcactt tattgattag gtggaaagga 3420  
 attttgagac acttcaattt gtgcatactt ttgttctgaa ctgcaaaatc agtctcttgt 3480  
 gatgtcctca aggcattat gctcagggat ttgcctaaaa ccataagtgg ccttagataa 3540  
 ggtaccattg tattacctt tattgtttgg atattttatt tatgaaagtg aatttatttt 3600  
 aaaaaaaaaa 3610

<210> 41  
 <211> 779  
 <212> PRT  
 <213> *Pinus radiata*

5

<400> 41

Met Cys Gly Gly Pro Glu His Leu Lys Pro Ala Ser Pro His Glu Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Asp Lys Val Lys Met Ala Glu Asn Gln Ser Ile Lys Val Lys Glu  
 20 25 30  
 Leu Ser Glu Ser Cys Ser Ser Leu His Glu Leu Ala Ala Asn Asn Asp  
 35 40 45  
 Leu Ile Gly Phe Lys Lys Ala Met Glu Glu Glu Gly Ser Lys Ile Asp  
 50 55 60  
 Glu Val Asn Phe Trp Tyr Gly Arg Gln Asn Gly Ser Asn Gln Met Val  
 65 70 75 80

10

ES 2 558 133 T3

Leu Glu Gln Arg Thr Pro Leu Met Val Ala Ala Leu Tyr Gly Ser Val  
 85 90 95  
 Asp Ala Leu Ser Tyr Ile Leu Ser Ile Tyr Val Thr Cys Gly Ala Asp  
 100 105 110  
 Val Asn Gln Ala Cys Gly Ser Asp Asn Ser Thr Ala Leu His Cys Ala  
 115 120 125  
 Ala Val Gly Gly Ser Ala Cys Ala Val Glu Thr Val Lys Leu Leu Leu  
 130 135 140  
 His Ala Gly Ser Asp Val Asn Arg Leu Asp Ala Tyr Gly Arg Arg Pro  
 145 150 155 160  
 Ala Asp Val Ile Met Val Ser Pro Lys Leu Thr Glu Ile Lys Ala Lys  
 165 170 175  
 Leu Glu Glu Met Leu Asn Ala Ala Gly Ser Cys Gln Thr Ser Pro Ala  
 180 185 190  
 Lys Leu Pro Asn Ile Val Ser Gly Pro Pro Gly Phe Glu Ser Lys Gly  
 195 200 205  
 Met Glu Ser Met Ser Pro Leu Pro Leu Leu Pro Leu Ser Leu Ser Leu  
 210 215 220  
 Glu Ala Ser Asn Asn Arg Ser Gly Cys Val Asn Ser Pro Thr Ser Ser  
 225 230 235 240  
 Pro Lys Ser Met Glu Ala Leu Lys Gly Phe Gly Asp Val Asn Glu Lys  
 245 250 255  
 Lys Glu Tyr Pro Val Asp Pro Ser Phe Pro Asp Ile Lys Asn Ser Ile  
 260 265 270  
 Tyr Thr Thr Asp Glu Phe Arg Met Phe Ser Phe Lys Val Arg Pro Cys  
 275 280 285  
 Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro  
 290 295 300  
 Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Arg Tyr His Tyr Ser Cys  
 305 310 315 320  
 Val Pro Cys Pro Asp Phe Arg Lys Gly Thr Cys Arg Arg Ser Asp Val  
 325 330 335  
 Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln  
 340 345 350  
 Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr Asn Cys Ser Arg Arg Val  
 355 360 365  
 Cys Phe Phe Ala His Thr Ser Glu Glu Leu Arg Pro Leu Ile Val Ser  
 370 375 380  
 Thr Gly Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ala Ser Ser Ser Leu Asp Met  
 385 390 395 400  
 Thr Ser Val Met Ser Pro Leu Ala Pro Gly Ser Pro Ser Ser Val Ser  
 405 410 415  
 Met Met Ser Pro Phe Leu Ser Asn Pro Gln Gln Gly Ser Val Leu Thr  
 420 425 430  
 Pro Pro Met Ser Pro Ser Ala Ser Ser Val Asn Gly Tyr Gly Gly Trp  
 435 440 445  
 Pro Gln Pro Asn Val Pro Thr Leu His Leu Pro Gly Ser Asn Val Gln  
 450 455 460  
 Thr Ser Arg Leu Arg Ala Glu Leu Asn Ala Arg Asp Met Pro Val Glu  
 465 470 475 480  
 Asp Ser Pro Arg Ile Ser Asp Tyr Glu Gly Gln Gln Leu Leu Asn Asp  
 485 490 495  
 Phe Ser Pro Leu Ser Thr Gln Ala Arg Leu Asn Ala Ala Ala Ala Val  
 500 505 510  
 Ile Ser Gly Gly Gly Asn Thr Thr Thr Arg Ser Gly Lys Tyr Lys Ser  
 515 520 525  
 His Gly Ile Asn Thr Val Ala Pro Thr Asn Leu Glu Asp Leu Phe Ala  
 530 535 540  
 Ser Glu Val Thr Ser Pro Arg Val Ala Val Leu Glu Pro Ser Ile Phe

545					550						555				560
Ser	Gln	Met	Ser	Pro	Gln	Met	Gln	Ala	His	Lys	Thr	Ala	Gln	Ala	Tyr
				565					570					575	
Met	Gln	Ile	Gln	Asn	Gln	Met	Leu	Pro	Pro	Ile	Asn	Thr	Gln	Ala	Phe
			580					585					590		
Ser	Gln	Gly	Ile	Thr	Gln	Met	Gln	Gln	Ala	Ala	Ile	Glu	Pro	Gln	Ser
		595					600					605			
Pro	Gly	His	Ser	Leu	Met	Gln	Ser	Pro	Phe	Gln	Ser	Ser	Ser	Tyr	Gly
	610					615					620				
Leu	Gly	Ser	Pro	Gly	Arg	Met	Ser	Pro	Arg	Cys	Val	Asp	Val	Glu	Arg
625					630					635					640
His	Asn	Thr	Cys	Gly	Ser	Pro	Leu	Ser	Pro	Ala	Met	Ala	Ala	Thr	Ile
				645					650					655	
Asn	Ser	Arg	Met	Ala	Met	Ala	Ala	Phe	Val	Gln	Arg	Glu	Lys	Arg	Ser
			660					665					670		
His	Ser	Ser	Arg	Asp	Leu	Gly	Ala	Asn	Val	Asn	Pro	Ser	Ser	Trp	Ser
		675					680					685			
Asp	Trp	Gly	Ser	Pro	Thr	Gly	Lys	Val	Asp	Trp	Gly	Val	Gln	Gly	Glu
	690					695					700				
Glu	Leu	Ser	Lys	Leu	Arg	Lys	Ser	Ala	Ser	Phe	Gly	Pro	Arg	Ser	Tyr
705					710					715					720
Glu	Glu	Pro	Asp	Leu	Ser	Trp	Val	Gln	Thr	Leu	Val	Lys	Glu	Thr	Thr
				725					730					735	
Pro	Glu	Gly	Lys	Asp	Gly	Gly	Asn	Val	Ser	Cys	Ser	Gly	Glu	Thr	Pro
			740				745						750		
His	Lys	Gly	Gln	Ile	Glu	Asn	Val	Asp	His	Ser	Val	Leu	Gly	Ala	Trp
		755					760					765			
Ile	Glu	Gln	Met	Gln	Leu	Asp	Gln	Ile	Val	Ala					
	770						775								

<210> 42  
 <211> 3610  
 <212> ADN  
 <213> *Pinus radiata*

5

<400> 42

tgtttccagg	cgggcactaa	agcaaggggag	ggggtaggct	ttactttctg	ctctgcgcaa	60
agaacggtga	aatcaatcgc	cctggctggg	ctggcgtgac	tactagattc	aatttcttca	120
tggcgtctct	cacataccca	ttctttaccg	gttcagagct	gtgatcttta	tttttaacag	180
ccacaatcat	ggtttggtt	tcagtgta	tgatctgagt	gaagttcggt	ctttttctcg	240
tgaccaggc	ttgatactag	gccggacctt	tctgagggtg	aagagatcta	tacatttgag	300
gcctatthttg	tgtagccatg	tgtggaggcc	cagaacattt	gaagcctgcc	agcccacacg	360
aaggagaaga	taaagtcaaa	atggccgaga	atcagttctat	caaagtgaag	gaattgtctg	420
aatcttggtc	aagtctacat	gaactagctg	ctaataatga	ccttattggc	tttaagaaag	480
caatggagga	agaaggggtca	aagatagatg	aggttaaactt	ttggtacggg	aggcagaatg	540
gttctaataca	gatggctctg	gagcaaagga	ctccattgat	ggttgctgca	ctttatggca	600
gtgtagatgc	gctgagttac	atcttatcca	tttatgtaac	ttgtggagca	gatgtaaac	660
aagcctgtgg	gtcagataaac	tcactgcct	tgcattgtgc	ggctgtggga	gggtctgcct	720
gtgcagtga	aactgtaaaa	ttgttacttc	atgcaggcag	tgatgtgaat	cgcttggatg	780
cttatggcag	aagaccagca	gatgtgatta	tggtttctcc	taagctaacc	gaaatcaagg	840
ccaagctaga	agaaatgtta	aacgcagctg	gttcatgtca	aacttctccg	gcaaagttgc	900
ctaacaatagt	ttcagggcca	cctgggtttg	agtcaaaggg	gatggagtcc	atgtcccat	960
tgccattggt	gcctctttca	ttgtctttag	aagcatccaa	taatagatca	ggttgtgtga	1020
attctccaac	atcttcgcca	aagtccatgg	aagcattaaa	gggtttcggt	gatgtaaatg	1080
agaagaagga	atatcctgtg	gacccttctt	ttccagacat	aaagaatagc	atctatacta	1140
cagatgaatt	tcggatgttt	tccttcaagg	tgccggcatg	ttcacgggca	tattctcatg	1200
attggactga	atgcccattt	gtgcatcctg	gtgaaaatgc	cagaaggcgg	gatccaagaa	1260
ggatcatta	tagctgtggt	ccttgcccag	atthtcggaa	agggacttgt	aggcgcagtg	1320
atgthtgtga	atatgcacac	ggtgtttttg	agtgctggtt	acatcctgct	caatatagga	1380

10



```

cacggttgtg caaagatggg actaattggt cacgtagagt ttgcttcttt gctcacacat 1440
ctgaggaact acgccctctc attgtctcta ctgggtctgc tgttccatcc ccaagggcat 1500
catcatctct ggacatgaca tctgtcatga gtcctcttgc ccttgggtct cctctctcag 1560
tttcaatgat gtcacccttc ctatcaaate ctcagcaagg cagtgtgctt actccgccta 1620
tgtctccatc agcgtcctct gtaaattgat atggaggctg gccacagcct aatgtaccaa 1680
ccttacacct tcttggtagc aatgttcaaa ccagccgtct tagagcggaa cttaatgcca 1740
gagacatgcc tgttgaggat tctctctgaa ttccagacta tgaagggcag caactcctga 1800
atgatttttc tccactgtcc acacaagcca ggctgaatgc tgctgctgct gttatatctg 1860
gtggcgggaa caccacaaca aggtctggaa aatacaagag tcacgggatc aatactgttg 1920
ctccaacgaa tcttgaagac ttgtttgcct ccgaggtaac atctcctaga gtagcagttc 1980
ttgaaccttc catcttttct cagatgagtc cccaaatgca agctcataag actgccccagg 2040
catatatgca gattcaaaac cagatgctgc ctctataaa tacacaggca ttttcgcagg 2100
gaattacaca gatgcagcag gctgcaatag agcctcagag ccttggacat tctttgatgc 2160
aatcaccttt ccaatcttcc tegtatgggt tgggatcccc tggtagaatg tcacctcgtt 2220
gtgtggatgt ggaacgtcat aatacatgtg ggtctccctt atcaccggct atggctgcaa 2280
cgataaatc aagaatggct atggctgctt ttgttcagag ggaaaaacgg agccatagtt 2340
cccgtgactt gggagctaat gtgaatccca gttcatggtc tgattggggc tcgcctacag 2400
gtaaagtga ctgggggggt caaggagaag agttgagcaa attaagaaag tcggcttcat 2460
ttgggtcccc cagttatgaa gaaccggatt tgtcttgggt tcaaacactg gtaaaggaaa 2520
ctacaccaga gggtaaagat ggaggaaatg taagctgttc tggggaaact ccacacaagg 2580
ggcaaataga aaatgttgat cattcagttt tgggtgcctg gattgaacag atgcagcttg 2640
atcagattgt agcttgagat taggattatt tatttggagt ggtggtaggg ataggctcat 2700
ttaaattca atttctcatt ttttactatt tcttttataa aaattcccca ttatagttta 2760
ggaaatagtc tggttttcta cctattatca gaattacacc tgcaggaaat tttggaggaa 2820
agcatgcaa aagtagatag ggatgttatt cctatcagca ggttgacaag ctgaaaatca 2880
cttgggtggg agaccagaga atgacactat tttttgttga catggcaact gaagatgctg 2940
ttttctttac ttatcattaa caaccctata tatatttgtt ttgaaagaac tgagcggaga 3000
aatgttgc aatgttgc actgcgcaagg ccttgggaaga aatccaagat gtggcatctt 3060
ggtgcatttt taatttatca agtgtgaaat ccataacagg tttcagtgag tgacttctga 3120
ggtgtatat ggaaaaacct atgatgttgg ctgtctactg ctatttttct gtgcctaaac 3180
tgtcaactaa agtttgcagg tggcaatttt gtggcagcat atttgcacat tgaagcggat 3240
ggtctgcacc tgctatagaa gttttcagat ctgtagaatt tgatggtgca agatgatttt 3300
ctagttgata tatttggag gctttgccaa agtagtggca tgtacatttt gcaaaaattt 3360
aaaggatggc aatccattgt tttgccatgt agcttcaact tattgattag gtggaaagga 3420
attttgagac acttcaattt gtgcatactt ttgttctgaa ctgcaaaatc agtctcttgt 3480
gatgtcctca aggtattat gctcagggat ttgcctaaaa ccataagtgg ccttagataa 3540
ggtaccattg tattacctt tattgtttgg atattttatt tatgaaagtg aatttatttt 3600
aaaaaaaaa
    
```

<210> 43  
 <211> 749  
 <212> PRT  
 <213> *Pinus radiata*

5

<400> 43

```

Met Lys Glu Met Ala Glu Tyr Cys Ser Pro Ala Leu Leu Glu Leu Ala
1          5          10          15
Ala Asn Asn Asp Leu Ser Gly Phe Lys Gln Ala Val Glu Glu Gly Gly
20          25          30
Ser Ser Val Asn Glu Arg Gly Leu Trp Tyr Gly Arg Gln Ile Gly Ser
35          40          45
Gly Gln Lys Met Val Leu Glu Gln Arg Thr Pro Leu Met Val Ala Ala
50          55          60
Leu Tyr Gly Ser Leu Asp Val Leu Ser Tyr Met Leu Ser Gly Gly Arg
65          70          75          80
Val Asp Val Asn Gln Ser Cys Gly Ser Asp Met Ser Thr Ala Leu His
85          90          95
Cys Ala Ala Ala Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ile Glu Thr Val Gly Met
100          105          110
    
```

10

ES 2 558 133 T3

Leu Ile Lys Ala Gly Ala Asp Val Asn Phe Met Asn Ala Gly Gly Arg  
 115 120 125  
 Lys Pro Ala Asp Val Ile Met Val Ser Pro Lys Leu Ala His Phe Lys  
 130 135 140  
 Asn Val Leu Glu Asp Leu Leu Ile Met Gly Ser Asn Ser Pro Met Lys  
 145 150 155 160  
 Ile Pro Cys Arg Val Ser Gly Ser Gly Phe Tyr Leu Pro Glu Gly Gly  
 165 170 175  
 Gly Cys Phe Phe Asp Glu His Gly Cys Val Val Ser Val Pro Thr Ser  
 180 185 190  
 Ser Pro Leu Phe Ser Ser Pro Asp Ala Thr Ser Pro Ala Thr Val Asn  
 195 200 205  
 Ser Pro Leu Ser Ser Pro Pro Thr Ser Leu Asp Thr Pro Lys Asn Leu  
 210 215 220  
 Cys Asp Cys Gly Gln Lys Lys Glu Phe Ala Val Asp Ser Ser Leu Pro  
 225 230 235 240  
 Asp Ile Lys Asn Ser Ile Tyr Ser Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser  
 245 250 255  
 Phe Lys Val Arg Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu  
 260 265 270  
 Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg  
 275 280 285  
 Lys Tyr His Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Asp Phe Arg Lys Gly Ala  
 290 295 300  
 Cys Arg Arg Gly Asp Val Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys  
 305 310 315 320  
 Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr  
 325 330 335  
 Asn Cys Ser Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala His Thr Pro Glu Glu Leu  
 340 345 350  
 Arg Pro Leu Tyr Pro Pro Ala Cys Ser Ser Met Leu Ser Gln Arg Thr  
 355 360 365  
 Thr Met Thr Ser Ser Asp Lys Met Ala Val Met His Pro Leu Ala Pro  
 370 375 380  
 Gly Ser Ala Ser Ser Val Leu Met Met Ser Ser Ser Asn Ser Ser Gln  
 385 390 395 400  
 Ser Ser Phe Pro Asn Ser Pro Val Ser Pro Leu Ser Ser Ala Asn Thr  
 405 410 415  
 Ser Ser His Ser Ser Phe Gly Gly Gly Ser Trp Ala His Pro Asn Leu  
 420 425 430  
 Pro Thr Leu His Leu Ser Asn Gly Ala Leu Gln Ala Ser Arg Leu Arg  
 435 440 445  
 Thr Ala Val Asn Ala Arg Asp Met His Pro Asp Cys Ser Ile Glu Ser  
 450 455 460  
 Gly Asp Tyr Glu Gly Gln Leu Leu Asn Glu Phe Ala Tyr Leu Ser Thr  
 465 470 475 480  
 Gln Ala Arg Gly Asn Gly Pro Met Ala Thr Val Ser Ser Ser Gly Asn  
 485 490 495  
 Thr Pro Cys Arg Pro Arg Lys Phe Arg Ala His Asn Val Ala Pro Thr  
 500 505 510  
 Asn Leu Glu Asp Leu Phe Ala Ser Glu Val Phe Ser Pro Lys Met Thr  
 515 520 525  
 Ala Ser Glu Ser Ala Phe Leu Ser Glu Ile Gln Ser His Lys Ser Ala  
 530 535 540  
 Gln Leu Ser Pro Gln Leu Gln Ser Gln Met Leu Ser Ser Phe Asn Thr  
 545 550 555 560  
 Gln Val Tyr Pro Gln Gly Ser Thr Gln Gly Gln Met His Met Gln His  
 565 570 575  
 Gly Gly Val Asp Cys Gln Ser Pro Ser Val Phe Leu Ser Pro Pro Pro

ES 2 558 133 T3

			580					585					590			
Val	Gln	Leu	Ala	Ser	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Leu	Gly	Pro	Leu	Ser	Ser	
		595					600					605				
Leu	Thr	Gly	Glu	Leu	Glu	Arg	Gln	Asn	Ser	Asn	Gly	Ser	Pro	Leu	Ser	
	610					615					620					
Pro	Ile	Met	Ser	Thr	Ala	Ala	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Ala	Phe	Ser	Gln	
625					630					635					640	
Arg	Asp	Lys	Gly	Ser	Ser	Arg	Ser	Gly	Asp	Leu	Gly	Gly	Ala	Thr	Thr	
				645					650					655		
Trp	Ser	Glu	Trp	Gly	Ser	Pro	Thr	Gly	Lys	Val	Asn	Trp	Gly	Ile	Arg	
			660					665					670			
Gly	Glu	Glu	Leu	Gln	Lys	Phe	Arg	Lys	Ser	Ala	Ser	Phe	Gly	Ile	Arg	
		675				680						685				
Ser	Ser	Asp	Glu	Pro	Asp	Leu	Ser	Trp	Val	Gln	Lys	Leu	Phe	Lys	Glu	
	690					695					700					
Ala	Pro	Met	Glu	Ser	Met	Asp	Arg	Gly	Thr	Met	Gly	Arg	Ser	Met	Asp	
705					710						715				720	
Ile	Ala	Asn	Ser	Val	Gln	Met	Glu	Ala	Thr	Asp	Leu	Gly	Gly	Trp	Ile	
				725					730					735		
Ser	Gln	Ile	Asn	Pro	Asp	Gln	Val	Ala	Pro	Leu	Thr	Leu				
			740					745								

<210> 44  
 <211> 711  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5

<400> 44

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

10

ES 2 558 133 T3

				245						250					255		
Ser	His	Asp	Trp	Thr	Glu	Cys	Pro	Phe	Val	His	Pro	Gly	Glu	Asn	Ala		
				260				265					270				
Arg	Arg	Arg	Asp	Pro	Arg	Lys	Phe	His	Tyr	Ser	Cys	Val	Pro	Cys	Pro		
			275				280					285					
Asp	Phe	Arg	Lys	Gly	Ala	Cys	Arg	Arg	Gly	Asp	Met	Cys	Glu	Tyr	Ala		
	290					295				300							
His	Gly	Val	Phe	Glu	Cys	Trp	Leu	His	Pro	Ala	Gln	Tyr	Arg	Thr	Arg		
305					310					315					320		
Leu	Cys	Lys	Asp	Gly	Thr	Ser	Cys	Asn	Arg	Arg	Val	Cys	Phe	Phe	Ala		
				325					330					335			
His	Thr	Ala	Glu	Glu	Leu	Arg	Pro	Leu	Tyr	Val	Ser	Thr	Gly	Ser	Ala		
			340					345					350				
Val	Pro	Ser	Pro	Arg	Ser	Ser	Ala	Ser	Ala	Pro	Asn	Val	Met	Asp	Met		
		355					360					365					
Ala	Ala	Ala	Met	Ser	Leu	Leu	Pro	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Val	Ser	Ser		
	370					375					380						
Met	Ser	Pro	Ser	His	Phe	Gly	Gln	Pro	Met	Ser	Pro	Ser	Ala	Asn	Gly		
385				390						395					400		
Met	Ser	Leu	Ser	Ser	Ala	Trp	Ala	Gln	Pro	Asn	Val	Ser	Ala	Leu	His		
				405				410						415			
Leu	Pro	Gly	Ser	Asn	Leu	Gln	Ser	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Ser	Leu	Ser		
			420					425					430				
Ala	Arg	Asp	Met	Pro	Pro	Asp	Asp	Leu	Asn	Met	Met	Ser	Asp	Leu	Asp		
		435					440					445					
Gly	Gln	Gln	Gln	His	Pro	Leu	Asn	Asp	Leu	Ser	Cys	Tyr	Leu	Gln	Pro		
	450					455					460						
Arg	Pro	Gly	Ala	Gly	Ser	Val	Ser	Arg	Ser	Gly	Arg	Ser	Lys	Ile	Leu		
465				470						475					480		
Thr	Pro	Ser	Asn	Leu	Glu	Asp	Leu	Phe	Ser	Ala	Glu	Ile	Ser	Ser	Ser		
				485				490						495			
Pro	Arg	Tyr	Ser	Asp	Pro	Ala	Ala	Gly	Ser	Val	Phe	Ser	Pro	Thr	His		
			500					505					510				
Lys	Ser	Ala	Val	Leu	Asn	Gln	Phe	Gln	Gln	Leu	Gln	Ser	Met	Leu	Ser		
		515					520					525					
Pro	Ile	Asn	Thr	Asn	Leu	Leu	Ser	Pro	Lys	Asn	Val	Glu	His	Pro	Leu		
	530					535					540						
Leu	Gln	Ala	Ser	Phe	Gly	Val	Ser	Pro	Ser	Gly	Arg	Met	Ser	Pro	Arg		
545					550					555					560		
Ser	Val	Glu	Pro	Ile	Ser	Pro	Met	Ser	Ser	Arg	Ile	Ser	Ala	Phe	Ala		
				565					570					575			
Gln	Arg	Glu	Lys	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Leu	Arg	Ser	Leu	Ser		
			580					585					590				
Ser	Arg	Asp	Leu	Gly	Ala	Asn	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Val	Gly	Ser	Pro		
		595					600					605					
Ala	Asn	Pro	Trp	Ser	Lys	Trp	Gly	Ser	Pro	Asn	Gly	Lys	Ala	Asp	Trp		
	610					615					620						
Ser	Val	Asn	Gly	Asp	Thr	Leu	Gly	Arg	Gln	Met	Arg	Arg	Ser	Ser	Ser		
625					630					635					640		
Phe	Glu	Leu	Lys	Asn	Asn	Gly	Glu	Glu	Pro	Asp	Leu	Ser	Trp	Val	Gln		
				645					650					655			
Ser	Leu	Val	Lys	Glu	Ser	Pro	Pro	Glu	Met	Ile	Lys	Glu	Lys	Phe	Ala		
			660					665					670				
Ser	Pro	Met	Pro	Thr	Ala	Ser	Ala	Asp	Gly	Pro	Asn	Ser	Asn	Ser	Gln		
		675					680					685					
Ile	Glu	Ser	Ile	Asp	His	Ser	Val	Leu	Gly	Ala	Trp	Leu	Glu	Gln	Met		
	690					695					700						
Gln	Leu	Asp	Gln	Leu	Val	Val											
705					710												

ES 2 558 133 T3

<211> 643  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5 <400> 45

Arg	Gly	Ser	Gly	Phe	Pro	Gly	Arg	Pro	Thr	Arg	Pro	Arg	Ser	Gly	Arg
1				5					10					15	
Thr	Arg	Gly	Arg	Thr	Arg	Gly	Val	Asn	Phe	Ala	Cys	Gly	Ala	Asn	Lys
			20					25					30		
Thr	Thr	Ala	Leu	His	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Ala	Ser	Thr	Lys	Ala	Val
		35					40					45			
Asp	Ala	Val	Lys	Leu	Leu	Leu	Ser	Ala	Gly	Ala	Asp	Val	Asn	Cys	Val
	50					55					60				
Asp	Ala	Asn	Gly	Asn	Arg	Pro	Ile	Asp	Val	Ile	Ala	Val	Pro	Pro	Lys
65					70				75						80
Leu	Gln	Gly	Ala	Lys	Ala	Val	Leu	Glu	Glu	Leu	Leu	Ser	Asp	Asn	Ala
				85					90					95	
Ser	Asp	Val	Ser	Val	Gly	Glu	Phe	Ser	Val	Pro	Val	Ser	Val	Asn	Ser
			100					105					110		
Ser	Ser	Pro	Gly	Ser	Pro	Ala	His	Ser	Ser	Asn	Gly	Met	Pro	Tyr	Thr
		115					120					125			
Pro	Ser	Val	Ser	Pro	Pro	Ser	Pro	Val	Ala	Ala	Lys	Phe	Thr	Asp	Ala
		130				135					140				
Ala	Ile	Cys	Ser	Leu	Ser	Glu	Lys	Ala	Arg	Glu	Tyr	Pro	Ile	Asp	Pro
145					150					155					160
Ser	Leu	Pro	Asp	Ile	Lys	Asn	Ser	Ile	Tyr	Ala	Thr	Asp	Glu	Phe	Arg
				165					170					175	
Met	Phe	Ser	Phe	Lys	Val	Arg	Pro	Cys	Ser	Arg	Ala	Tyr	Ser	His	Asp
			180					185					190		
Trp	Thr	Glu	Cys	Pro	Phe	Val	His	Pro	Gly	Glu	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg
		195					200					205			
Asp	Pro	Arg	Lys	Phe	His	Tyr	Ser	Cys	Val	Pro	Cys	Pro	Asp	Phe	Arg
	210					215					220				
Lys	Gly	Ala	Cys	Arg	Arg	Gly	Asp	Met	Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly	Val
225					230					235					240
Phe	Glu	Cys	Trp	Leu	His	Pro	Ala	Gln	Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys
				245					250					255	
Asp	Gly	Thr	Ser	Cys	Asn	Arg	Arg	Val	Cys	Phe	Phe	Ala	His	Thr	Ala
			260					265					270		
Glu	Glu	Leu	Arg	Pro	Leu	Tyr	Val	Ser	Thr	Gly	Ser	Ala	Ala	Pro	Ser
		275					280					285			
Pro	Arg	Ser	Ser	Ala	Ser	Gly	Pro	Asn	Val	Met	Asp	Met	Ala	Ala	Ala
	290					295					300				
Met	Ser	Leu	Phe	Pro	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Gly	Ser	Ser	Ile	Ser	Leu
305					310					315					320
Ser	Ile	Ser	Phe	Ser	Leu	Asp	Pro	Met	Ser	Pro	Ser	Ala	Asn	Gly	Met
				325					330					335	
Pro	Leu	Ser	Ser	Ala	Trp	Ala	Gln	Pro	Asn	Val	Pro	Ala	Leu	His	Leu
			340					345					350		
Pro	Gly	Ser	Asn	Leu	Gln	Ser	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Ser	Leu	Ser	Ala
		355					360					365			
Arg	Asp	Ile	Pro	Pro	Glu	Asp	Leu	Asn	Met	Met	Ser	Asp	Leu	Asp	Gly
	370					375					380				
Gln	Gln	Gln	His	His	Leu	Asn	Asp	Leu	Ser	Cys	Tyr	Ile	Gln	Pro	Arg
385					390					395					400
Pro	Gly	Ala	Ser	Ser	Val	Ser	Arg	Ser	Gly	Arg	Ser	Lys	Thr	Leu	Thr
				405					410					415	

Pro Ser Asn Leu Glu Glu Leu Phe Ser Ala Glu Ile Ser Leu Ser Pro  
 420 425 430  
 Arg Tyr Ser Asp Pro Ala Ala Gly Ser Val Phe Ser Pro Thr His Lys  
 435 440 445  
 Ser Ala Val Leu Asn Gln Phe Gln Gln Leu Gln Ser Met Leu Ser Pro  
 450 455 460  
 Ile Asn Thr Asn Leu Leu Ser Pro Lys Asn Val Glu His Pro Leu Phe  
 465 470 475 480  
 Gln Ala Ser Phe Gly Val Ser Pro Ser Gly Arg Met Ser Pro Arg Ser  
 485 490 495  
 Val Glu Pro Ile Ser Pro Met Ser Ala Arg Leu Ser Ala Phe Ala Gln  
 500 505 510  
 Arg Glu Lys Gln Gln Gln Gln Leu Arg Ser Val Ser Ser Arg Asp Leu  
 515 520 525  
 Gly Ala Asn Ser Pro Ala Ser Leu Val Gly Ser Pro Ala Asn Pro Trp  
 530 535 540  
 Ser Lys Trp Gly Ser Pro Ile Gly Lys Ala Asp Trp Ser Val Asn Gly  
 545 550 555 560  
 Asp Ser Leu Gly Arg Gln Met Arg Arg Ser Ser Ser Phe Glu Arg Lys  
 565 570 575  
 Asn Asn Gly Glu Glu Pro Asp Leu Ser Trp Val Gln Ser Leu Val Lys  
 580 585 590  
 Glu Ser Pro Pro Glu Met Ile Lys Glu Lys Phe Ala Ser Pro Met Pro  
 595 600 605  
 Thr Ala Ser Ala Asp Gly Pro Asn Ser Asn Ser Gln Ile Glu Ser Ile  
 610 615 620  
 Asp His Ser Val Leu Gly Ala Trp Leu Glu Gln Met Gln Leu Asp Gln  
 625 630 635 640  
 Leu Val Val

<210> 46  
 <211> 669  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5

<400> 46

Ser His Glu Met Asn His Leu Ser Leu Asp Thr Glu Asp Ser Leu Ala  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Asn Asn Asp Val Ser Gly Phe Lys  
 20 25 30  
 Arg Leu Ile Glu Cys Glu Pro Ser Ser Ile Asp Glu Val Gly Leu Trp  
 35 40 45  
 Tyr Gly Arg His Lys Glu Ser Lys Lys Met Val Asn Glu Gln Arg Thr  
 50 55 60  
 Pro Leu Met Val Ala Ala Thr Tyr Gly Ser Ile Asp Val Met Thr Leu  
 65 70 75 80  
 Ile Leu Ser Leu Ser Glu Ala Asp Val Asn Arg Ser Ser Gly Leu Asp  
 85 90 95  
 Lys Ser Thr Ala Leu His Cys Ala Ala Ser Gly Gly Ser Glu Asn Ala  
 100 105 110  
 Val Asp Ala Val Lys Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asp Arg Asn Ser  
 115 120 125  
 Val Asp Ala Asn Gly Arg Arg Pro Gly Asp Val Ile Val Ser Pro Pro  
 130 135 140  
 Lys Leu Asp Tyr Val Lys Lys Ser Leu Glu Glu Leu Leu Gly Ser Asp  
 145 150 155 160  
 Asp Trp Ser Leu Leu Arg Val Met Arg Ser Thr Cys Asn Gly Cys Ser  
 165 170 175

10

ES 2 558 133 T3

Ala Glu Asp Leu Lys Met Lys Thr Asn Glu Val Ser Glu Lys Lys Glu  
 180 185 190  
 Tyr Pro Val Asp Leu Ser Leu Pro Asp Ile Lys Asn Ser Ile Tyr Ser  
 195 200 205  
 Ser Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val Arg Pro Cys Ser Arg  
 210 215 220  
 Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu  
 225 230 235 240  
 Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Phe His Tyr Ser Cys Val Pro  
 245 250 255  
 Cys Pro Glu Phe Arg Lys Gly Ala Cys Arg Arg Gly Asp Met Cys Glu  
 260 265 270  
 Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg  
 275 280 285  
 Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr Asn Cys Ala Arg Arg Val Cys Phe  
 290 295 300  
 Phe Ala His Thr Asn Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Val Ser Thr Gly  
 305 310 315 320  
 Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ser Ser Ala Ser Ser Ala Met Asp Phe  
 325 330 335  
 Val Ala Ala Ile Ser Pro Ser Ser Met Ser Val Met Ser Pro Ser Pro  
 340 345 350  
 Phe Thr Pro Pro Met Ser Pro Ser Ser Ala Ser Ile Ala Trp Pro Gln  
 355 360 365  
 Pro Asn Ile Pro Ala Leu His Leu Pro Gly Ser Asn Phe His Ser Ser  
 370 375 380  
 Arg Leu Arg Ser Ser Leu Asn Ala Arg Asp Phe Ser Val Asp Asp Phe  
 385 390 395 400  
 Asp Leu Leu Leu Pro Asp Tyr Asp His His His His Gln Gln Gln Gln  
 405 410 415  
 Gln Gln Phe Leu Asn Glu Leu Ser Cys Leu Ser Pro His Ala Met Asn  
 420 425 430  
 Cys Asn Thr Met Asn Arg Ser Gly Arg Met Lys Pro Leu Thr Pro Ser  
 435 440 445  
 Asn Leu Asp Asp Leu Phe Ser Ala Glu Ser Ser Ser Pro Arg Tyr Ala  
 450 455 460  
 Asp Pro Ala Leu Ala Ser Ala Val Phe Ser Pro Thr His Lys Ser Ala  
 465 470 475 480  
 Val Phe Asn Gln Phe Gln His Gln Gln Ser Met Leu Ala Pro Leu Asn  
 485 490 495  
 Thr Asn Phe Ala Ser Lys Asn Phe Glu His Pro Leu Leu Gln Ala Ser  
 500 505 510  
 Leu Gly Met Ser Pro Arg Asn Val Glu Pro Ile Ser Pro Met Gly Ser  
 515 520 525  
 Arg Ile Ser Met Leu Ala Gln Arg Glu Lys Gln Gln Phe Arg Ser Leu  
 530 535 540  
 Ser Phe Arg Glu Leu Gly Ser Asn Ser Ala Ala Ala Ser Ala Asp Ser  
 545 550 555 560  
 Trp Ser Lys Trp Gly Ser Pro Asn Val Lys Leu Asp Trp Pro Val Gly  
 565 570 575  
 Ala Gly Glu Val Gly Lys Leu Arg Arg Ser Ser Ser Phe Glu Leu Gly  
 580 585 590  
 Asn Asn Gly Glu Glu Pro Asp Leu Ser Trp Val Gln Ser Leu Val Lys  
 595 600 605  
 Glu Ser Pro Ala Glu Val Lys Asp Lys Leu Ala Thr Thr Val Ser Tyr  
 610 615 620  
 Val Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ser Ser Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ser  
 625 630 635 640  
 Thr Gln Met Glu Ser Val Val Asp His Ala Val Leu Gly Ala Trp Leu

ES 2 558 133 T3

645 650 655  
 Glu Gln Met Gln Leu Asp His Leu Val Ala Gln Gln Asn  
 660 665

5  
 <210> 47  
 <211> 580  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 47

```

Met Cys Ser Gly Pro Lys Ser Asn Leu Cys Ser Ser Arg Thr Leu Thr
 1          5          10          15
Glu Ile Glu Ser Arg Gln Lys Glu Glu Glu Thr Met Leu Leu Leu Glu
          20          25          30
Phe Ala Ala Cys Asp Asp Leu Asp Ser Phe Lys Arg Glu Val Glu Glu
          35          40          45
Lys Gly Leu Asp Leu Asp Glu Ser Gly Leu Trp Tyr Cys Arg Arg Val
          50          55          60
Gly Ser Lys Lys Met Gly Leu Glu Glu Arg Thr Pro Leu Met Val Ala
 65          70          75          80
Ala Met Tyr Gly Ser Ile Lys Val Leu Thr Phe Ile Val Ser Thr Gly
          85          90          95
Lys Ser Asp Val Asn Arg Ala Cys Gly Glu Glu Arg Val Thr Pro Leu
          100         105         110
His Cys Ala Val Ala Gly Cys Ser Val Asn Met Ile Glu Val Ile Asn
          115         120         125
Val Leu Leu Asp Ala Ser Ala Leu Val Asn Ser Val Asp Ala Asn Gly
          130         135         140
Asn Gln Pro Leu Asp Val Phe Val Arg Val Ser Arg Phe Val Ala Ser
 145         150         155         160
Pro Arg Arg Lys Ala Val Glu Leu Leu Leu Arg Gly Gly Gly Val Gly
          165         170         175
Gly Leu Ile Asp Glu Ala Val Glu Glu Glu Ile Lys Ile Val Ser Lys
          180         185         190
Tyr Pro Ala Asp Ala Ser Leu Pro Asp Ile Asn Glu Gly Val Tyr Gly
          195         200         205
Ser Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val Lys Pro Cys Ser Arg
          210         215         220
Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Ala Phe Val His Pro Gly Glu
 225         230         235         240
Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Tyr Pro Tyr Thr Cys Val Pro
          245         250         255
Cys Pro Glu Phe Arg Lys Gly Ser Cys Pro Lys Gly Asp Ser Cys Glu
          260         265         270
Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Ser Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Lys
          275         280         285
Thr Arg Leu Cys Lys Asp Glu Thr Gly Cys Ala Arg Lys Val Cys Phe
          290         295         300
Phe Ala His Lys Arg Glu Glu Met Arg Pro Val Asn Ala Ser Thr Gly
 305         310         315         320
Ser Ala Val Ala Gln Ser Pro Phe Ser Ser Leu Glu Met Met Pro Gly
          325         330         335
Leu Ser Pro Leu Ala Tyr Ser Ser Gly Val Ser Thr Pro Pro Val Ser
          340         345         350
Pro Met Ala Asn Gly Val Pro Ser Ser Pro Arg Asn Gly Gly Ser Trp
          355         360         365
Gln Asn Arg Val Asn Thr Leu Thr Pro Pro Ala Leu Gln Leu Asn Gly
          370         375         380
Gly Ser Arg Leu Lys Ser Thr Leu Ser Ala Arg Asp Ile Asp Met Glu
    
```

10



ES 2 558 133 T3

```

385                               390                               395                               400
Met Glu Met Glu Leu Arg Leu Arg Gly Phe Gly Asn Asn Val Glu Glu
                               405                               410                               415
Thr Phe Gly Ser Tyr Val Ser Ser Pro Ser Arg Asn Ser Gln Met Gly
                               420                               425                               430
Gln Asn Met Asn Gln His Tyr Pro Ser Ser Pro Val Arg Gln Pro Pro
                               435                               440                               445
Ser Gln His Gly Phe Glu Ser Ser Ala Ala Ala Ala Val Ala Val Met
                               450                               455                               460
Lys Ala Arg Ser Thr Ala Phe Ala Lys Arg Ser Leu Ser Phe Lys Pro
465                               470                               475                               480
Ala Thr Gln Ala Ala Pro Gln Ser Asn Leu Ser Asp Trp Gly Ser Pro
                               485                               490                               495
Asn Gly Lys Leu Glu Trp Gly Met Lys Gly Glu Glu Leu Asn Lys Met
                               500                               505                               510
Arg Arg Ser Val Ser Phe Gly Ile His Gly Asn Asn Asn Asn Ala
                               515                               520                               525
Ala Arg Asp Tyr Arg Asp Glu Pro Asp Val Ser Trp Val Asn Ser Leu
                               530                               535                               540
Val Lys Asp Ser Thr Val Val Ser Glu Arg Ser Phe Gly Met Asn Glu
545                               550                               555                               560
Arg Val Arg Ile Met Ser Trp Ala Glu Gln Met Tyr Arg Glu Lys Glu
                               565                               570                               575
Gln Thr Val Val
                               580

```

<210> 48  
 <211> 719  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 48

```

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

```

10

ES 2 558 133 T3

210						215						220					
Gly	Ser	Pro	Leu	Gly	Ser	Pro	Phe	Lys	Leu	Lys	Ser	Thr	Glu	Phe	Lys		
225					230					235					240		
Lys	Glu	Tyr	Pro	Val	Asp	Pro	Ser	Leu	Pro	Asp	Ile	Lys	Asn	Ser	Ile		
				245					250					255			
Tyr	Ala	Thr	Asp	Glu	Phe	Arg	Met	Tyr	Ser	Phe	Lys	Val	Arg	Pro	Cys		
			260					265					270				
Ser	Arg	Ala	Tyr	Ser	His	Asp	Trp	Thr	Glu	Cys	Pro	Phe	Val	His	Pro		
			275				280					285					
Gly	Glu	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Asp	Pro	Arg	Lys	Phe	His	Tyr	Ser	Cys		
						295					300						
Val	Pro	Cys	Pro	Asp	Phe	Arg	Lys	Gly	Ala	Cys	Arg	Arg	Gly	Asp	Met		
305					310					315					320		
Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly	Val	Phe	Glu	Cys	Trp	Leu	His	Pro	Ala	Gln		
				325						330				335			
Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys	Lys	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Ala	Arg	Arg	Val		
				340				345					350				
Cys	Phe	Phe	Ala	His	Thr	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg	Pro	Leu	Tyr	Ala	Ser		
			355				360					365					
Thr	Gly	Ser	Ala	Val	Pro	Ser	Pro	Arg	Ser	Asn	Ala	Asp	Tyr	Ala	Ala		
						375					380						
Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Pro	Gly	Ser	Pro	Ser	Gly	Val	Ser	Val	Met	Ser		
385					390					395					400		
Pro	Leu	Ser	Pro	Ser	Ala	Ala	Gly	Asn	Gly	Met	Ser	His	Ser	Asn	Met		
				405						410				415			
Ala	Trp	Pro	Gln	Pro	Asn	Val	Pro	Ala	Leu	His	Leu	Pro	Gly	Ser	Asn		
				420				425					430				
Leu	Gln	Ser	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Ser	Leu	Asn	Ala	Arg	Asp	Ile	Pro		
				435			440					445					
Thr	Asp	Glu	Phe	Asn	Met	Leu	Ala	Asp	Tyr	Glu	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu		
					455						460						
Asn	Glu	Tyr	Ser	Asn	Ala	Leu	Ser	Arg	Ser	Gly	Arg	Met	Lys	Ser	Met		
465					470					475					480		
Pro	Pro	Ser	Asn	Leu	Glu	Asp	Leu	Phe	Ser	Ala	Glu	Gly	Ser	Ser	Ser		
				485						490				495			
Pro	Arg	Phe	Thr	Asp	Ser	Ala	Leu	Ala	Ser	Ala	Val	Phe	Ser	Pro	Thr		
				500				505					510				
His	Lys	Ser	Ala	Val	Phe	Asn	Gln	Phe	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln		
				515			520						525				
Gln	Gln	Gln	Ser	Met	Leu	Ser	Pro	Ile	Asn	Thr	Ser	Phe	Ser	Ser	Pro		
						535					540						
Lys	Ser	Val	Asp	His	Ser	Leu	Phe	Ser	Gly	Gly	Gly	Arg	Met	Ser	Pro		
545					550					555					560		
Arg	Asn	Val	Val	Glu	Pro	Ile	Ser	Pro	Met	Ser	Ala	Arg	Val	Ser	Met		
				565						570				575			
Leu	Ala	Gln	Cys	Val	Lys	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln		
				580				585					590				
Gln	Gln	Gln	His	Gln	Phe	Arg	Ser	Leu	Ser	Ser	Arg	Glu	Leu	Arg	Thr		
				595			600					605					
Asn	Ser	Ser	Pro	Ile	Val	Gly	Ser	Pro	Val	Asn	Asn	Asn	Thr	Trp	Ser		
						615					620						
Ser	Lys	Trp	Gly	Ser	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Asp	Trp	Gly	Met	Ser	Ser		
625					630					635					640		
Glu	Ala	Leu	Gly	Lys	Leu	Arg	Ser	Ser	Ser	Ser	Phe	Asp	Gly	Asp	Glu		
				645						650				655			
Pro	Asp	Val	Ser	Trp	Val	Gln	Ser	Leu	Val	Lys	Glu	Thr	Pro	Ala	Glu		
				660				665					670				
Ala	Lys	Glu	Lys	Ala	Ala	Thr	Ser	Ser	Ser	Gly	Glu	His	Val	Met	Lys		
				675			680						685				

ES 2 558 133 T3

Gln Pro Asn Pro Val Glu Pro Val Met Asp His Ala Gly Leu Glu Ala  
 690 695 700  
 Trp Ile Glu Gln Met Gln Leu Asp Gln Leu Val Ala Gln Gln Asn  
 705 710 715

<210> 49  
 <211> 686  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 49

Met Asn His Ile Thr Val Glu Thr Glu Asp Thr Phe Ala Ser Leu Leu  
 1 5 10 15  
 Glu Leu Ala Ala Asn Asn Asp Val Glu Gly Val Arg Leu Ser Ile Glu  
 20 25 30  
 Arg Asp Pro Ser Cys Val Asp Glu Ala Gly Leu Trp Tyr Gly Arg Gln  
 35 40 45  
 Lys Gly Ser Lys Ala Met Val Asn Asp Tyr Arg Thr Pro Leu Met Val  
 50 55 60  
 Ala Ala Thr Tyr Gly Ser Ile Asp Val Ile Lys Leu Ile Val Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Thr Asp Ala Asp Val Asn Arg Ala Cys Gly Asn Asp Gln Thr Thr Ala  
 85 90 95  
 Leu His Cys Ala Ala Ser Gly Gly Ala Val Asn Ala Ile Gln Val Val  
 100 105 110  
 Lys Leu Leu Leu Ala Ala Gly Ala Asp Leu Asn Leu Leu Asp Ala Glu  
 115 120 125  
 Gly Gln Arg Ala Gly Asp Val Ile Val Val Pro Pro Lys Leu Glu Gly  
 130 135 140  
 Val Lys Leu Met Leu Gln Glu Leu Leu Ser Ala Asp Gly Ser Ser Thr  
 145 150 155 160  
 Ala Glu Arg Asn Leu Arg Val Val Thr Asn Val Pro Asn Arg Ser Ser  
 165 170 175  
 Ser Pro Cys His Ser Pro Thr Gly Glu Asn Gly Gly Ser Gly Ser Gly  
 180 185 190  
 Ser Pro Leu Gly Ser Pro Phe Lys Leu Lys Ser Thr Glu Phe Lys Lys  
 195 200 205  
 Glu Tyr Pro Val Asp Pro Ser Leu Pro Asp Ile Lys Asn Ser Ile Tyr  
 210 215 220  
 Ala Thr Asp Glu Phe Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val Arg Pro Cys Ser  
 225 230 235 240  
 Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly  
 245 250 255  
 Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Phe His Tyr Ser Cys Val  
 260 265 270  
 Pro Cys Pro Asp Phe Arg Lys Gly Ala Cys Arg Arg Gly Asp Met Cys  
 275 280 285  
 Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr  
 290 295 300  
 Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Thr Gly Cys Ala Arg Arg Val Cys  
 305 310 315 320  
 Phe Phe Ala His Thr Pro Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Ala Ser Thr  
 325 330 335  
 Gly Ser Ala Val Pro Ser Pro Arg Ser Asn Ala Asp Tyr Ala Ala Ala  
 340 345 350  
 Leu Ser Leu Leu Pro Gly Ser Pro Ser Gly Val Ser Val Met Ser Pro  
 355 360 365  
 Leu Ser Pro Ser Ala Ala Gly Asn Gly Met Ser His Ser Asn Met Ala  
 370 375 380

10

ES 2 558 133 T3

Trp Pro Gln Pro Asn Val Pro Ala Leu His Leu Pro Gly Ser Asn Leu  
 385 390 395 400  
 Gln Ser Ser Arg Leu Arg Ser Ser Leu Asn Ala Arg Asp Ile Pro Thr  
 405 410 415  
 Asp Glu Phe Asn Met Leu Ala Asp Tyr Glu Gln Gln Gln Leu Leu Asn  
 420 425 430  
 Glu Tyr Ser Asn Ala Leu Ser Arg Ser Gly Arg Met Lys Ser Met Pro  
 435 440 445  
 Pro Ser Asn Leu Glu Asp Leu Phe Ser Ala Glu Gly Ser Ser Ser Pro  
 450 455 460  
 Arg Phe Thr Asp Ser Ala Leu Ala Ser Ala Val Phe Ser Pro Thr His  
 465 470 475 480  
 Lys Ser Ala Val Phe Asn Gln Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln  
 485 490 495  
 Gln Gln Ser Met Leu Ser Pro Ile Asn Thr Ser Phe Ser Ser Pro Lys  
 500 505 510  
 Ser Val Asp His Ser Leu Phe Ser Gly Gly Gly Arg Met Ser Pro Arg  
 515 520 525  
 Asn Val Val Glu Pro Ile Ser Pro Met Ser Ala Arg Val Ser Met Leu  
 530 535 540  
 Ala Gln Cys Val Lys Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln  
 545 550 555 560  
 Gln Gln His Gln Phe Arg Ser Leu Ser Ser Arg Glu Leu Arg Thr Asn  
 565 570 575  
 Ser Ser Pro Ile Val Gly Ser Pro Val Asn Asn Asn Thr Trp Ser Ser  
 580 585 590  
 Lys Trp Gly Ser Ser Asn Gly Gln Pro Asp Trp Gly Met Ser Ser Glu  
 595 600 605  
 Ala Leu Gly Lys Leu Arg Ser Ser Ser Ser Phe Asp Gly Asp Glu Pro  
 610 615 620  
 Asp Val Ser Trp Val Gln Ser Leu Val Lys Glu Thr Pro Ala Glu Ala  
 625 630 635 640  
 Lys Glu Lys Ala Ala Thr Ser Ser Ser Gly Glu His Val Met Lys Gln  
 645 650 655  
 Pro Asn Pro Val Glu Pro Val Met Asp His Ala Gly Leu Glu Ala Trp  
 660 665 670  
 Ile Glu Gln Met Gln Leu Asp Gln Leu Val Ala Gln Gln Asn  
 675 680 685

<210> 50  
 <211> 633  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 50

Met Val Asn Asp Tyr Arg Thr Pro Leu Met Val Ala Ala Thr Tyr Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Ile Asp Val Ile Lys Leu Ile Val Ser Leu Thr Asp Ala Asp Val  
 20 25 30  
 Asn Arg Ala Cys Gly Asn Asp Gln Thr Thr Ala Leu His Cys Ala Ala  
 35 40 45  
 Ser Gly Gly Ala Val Asn Ala Ile Gln Val Val Lys Leu Leu Leu Ala  
 50 55 60  
 Ala Gly Ala Asp Leu Asn Leu Leu Asp Ala Glu Gly Gln Arg Ala Gly  
 65 70 75 80  
 Asp Val Ile Val Val Pro Pro Lys Leu Glu Gly Val Lys Leu Met Leu  
 85 90 95  
 Gln Glu Leu Leu Ser Ala Asp Gly Ser Ser Thr Ala Glu Arg Asn Leu  
 100 105 110

10

Arg Val Val Thr Asn Val Pro Asn Arg Ser Ser Ser Pro Cys His Ser  
 115 120 125  
 Pro Thr Gly Glu Asn Gly Gly Ser Gly Ser Gly Ser Pro Leu Gly Ser  
 130 135 140  
 Pro Phe Lys Leu Lys Ser Thr Glu Phe Lys Lys Glu Tyr Pro Val Asp  
 145 150 155 160  
 Pro Ser Leu Pro Asp Ile Lys Asn Ser Ile Tyr Ala Thr Asp Glu Phe  
 165 170 175  
 Arg Met Tyr Ser Phe Lys Val Arg Pro Cys Ser Arg Ala Tyr Ser His  
 180 185 190  
 Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Val His Pro Gly Glu Asn Ala Arg Arg  
 195 200 205  
 Arg Asp Pro Arg Lys Phe His Tyr Ser Cys Val Pro Cys Pro Asp Phe  
 210 215 220  
 Arg Lys Gly Ala Cys Arg Arg Gly Asp Met Cys Glu Tyr Ala His Gly  
 225 230 235 240  
 Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln Tyr Arg Thr Arg Leu Cys  
 245 250 255  
 Lys Asp Gly Thr Gly Cys Ala Arg Arg Val Cys Phe Phe Ala His Thr  
 260 265 270  
 Pro Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Ala Ser Thr Gly Ser Ala Val Pro  
 275 280 285  
 Ser Pro Arg Ser Asn Ala Asp Tyr Ala Ala Ala Leu Ser Leu Leu Pro  
 290 295 300  
 Gly Ser Pro Ser Gly Val Ser Val Met Ser Pro Leu Ser Pro Ser Ala  
 305 310 315 320  
 Ala Gly Asn Gly Met Ser His Ser Asn Met Ala Trp Pro Gln Pro Asn  
 325 330 335  
 Val Pro Ala Leu His Leu Pro Gly Ser Asn Leu Gln Ser Ser Arg Leu  
 340 345 350  
 Arg Ser Ser Leu Asn Ala Arg Asp Ile Pro Thr Asp Glu Phe Asn Met  
 355 360 365  
 Leu Ala Asp Tyr Glu Gln Gln Gln Leu Leu Asn Glu Tyr Ser Asn Ala  
 370 375 380  
 Leu Ser Arg Ser Gly Arg Met Lys Ser Met Pro Pro Ser Asn Leu Glu  
 385 390 395 400  
 Asp Leu Phe Ser Ala Glu Gly Ser Ser Ser Pro Arg Phe Thr Asp Ser  
 405 410 415  
 Ala Leu Ala Ser Ala Val Phe Ser Pro Thr His Lys Ser Ala Val Phe  
 420 425 430  
 Asn Gln Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Ser Met Leu  
 435 440 445  
 Ser Pro Ile Asn Thr Ser Phe Ser Ser Pro Lys Ser Val Asp His Ser  
 450 455 460  
 Leu Phe Ser Gly Gly Gly Arg Met Ser Pro Arg Asn Val Val Glu Pro  
 465 470 475 480  
 Ile Ser Pro Met Ser Ala Arg Val Ser Met Leu Ala Gln Cys Val Lys  
 485 490 495  
 Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln His Gln Phe  
 500 505 510  
 Arg Ser Leu Ser Ser Arg Glu Leu Arg Thr Asn Ser Ser Pro Ile Val  
 515 520 525  
 Gly Ser Pro Val Asn Asn Asn Thr Trp Ser Ser Lys Trp Gly Ser Ser  
 530 535 540  
 Asn Gly Gln Pro Asp Trp Gly Met Ser Ser Glu Ala Leu Gly Lys Leu  
 545 550 555 560  
 Arg Ser Ser Ser Ser Phe Asp Gly Asp Glu Pro Asp Val Ser Trp Val  
 565 570 575  
 Gln Ser Leu Val Lys Glu Thr Pro Ala Glu Ala Lys Glu Lys Ala Ala

ES 2 558 133 T3

```

                580                      585                      590
Thr Ser Ser Ser Gly Glu His Val Met Lys Gln Pro Asn Pro Val Glu
                595                      600                      605
Pro Val Met Asp His Ala Gly Leu Glu Ala Trp Ile Glu Gln Met Gln
                610                      615                      620
Leu Asp Gln Leu Val Ala Gln Gln Asn
                625                      630

```

<210> 51  
 <211> 678  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 51

```

Met Asn Asp Ala Ala Glu Trp Glu His Ser Phe Ser Ala Leu Leu Glu
1                    5                    10                    15
Phe Ala Ala Asp Asn Asp Val Glu Gly Phe Arg Arg Gln Leu Ser Asp
                20                    25                    30
Val Ser Cys Ile Asn Gln Met Gly Leu Trp Tyr Arg Arg Gln Arg Phe
                35                    40                    45
Val Arg Arg Met Val Leu Glu Gln Arg Thr Pro Leu Met Val Ala Ser
                50                    55                    60
Leu Tyr Gly Ser Leu Asp Val Val Lys Phe Ile Leu Ser Phe Pro Glu
                65                    70                    75                    80
Ala Glu Leu Asn Leu Ser Cys Gly Pro Asp Lys Ser Thr Ala Leu His
                85                    90                    95
Cys Ala Ala Ser Gly Ala Ser Val Asn Ser Leu Asp Val Val Lys Leu
                100                   105                   110
Leu Leu Ser Val Gly Ala Asp Pro Asn Ile Pro Asp Ala His Gly Asn
                115                   120                   125
Arg Pro Val Asp Val Leu Val Val Ser Pro His Ala Pro Gly Leu Arg
                130                   135                   140
Thr Ile Leu Glu Glu Ile Leu Lys Lys Asp Glu Ile Ile Ser Glu Asp
145                   150                   155                   160
Leu His Ala Ser Ser Ser Ser Leu Gly Ser Ser Phe Arg Ser Leu Ser
                165                   170                   175
Ser Ser Pro Asp Asn Gly Ser Ser Leu Leu Ser Leu Asp Ser Val Ser
                180                   185                   190
Ser Pro Thr Lys Pro His Gly Thr Asp Val Thr Phe Ala Ser Glu Lys
                195                   200                   205
Lys Glu Tyr Pro Ile Asp Pro Ser Leu Pro Asp Ile Lys Ser Gly Ile
                210                   215                   220
Tyr Ser Thr Asp Glu Phe Arg Met Phe Ser Phe Lys Ile Arg Pro Cys
225                   230                   235                   240
Ser Arg Ala Tyr Ser His Asp Trp Thr Glu Cys Pro Phe Ala His Pro
                245                   250                   255
Gly Glu Asn Ala Arg Arg Arg Asp Pro Arg Lys Phe His Tyr Thr Cys
                260                   265                   270
Val Pro Cys Pro Asp Phe Lys Lys Gly Ser Cys Lys Gln Gly Asp Met
                275                   280                   285
Cys Glu Tyr Ala His Gly Val Phe Glu Cys Trp Leu His Pro Ala Gln
                290                   295                   300
Tyr Arg Thr Arg Leu Cys Lys Asp Gly Met Gly Cys Asn Arg Arg Val
305                   310                   315                   320
Cys Phe Phe Ala His Ala Asn Glu Glu Leu Arg Pro Leu Tyr Pro Ser
                325                   330                   335
Thr Gly Ser Gly Leu Pro Ser Pro Arg Ala Ser Ser Ala Val Ser Ala
                340                   345                   350
Ser Thr Met Asp Met Ala Ser Val Leu Asn Met Leu Pro Gly Ser Pro

```

10

ES 2 558 133 T3

```

          355                      360                      365
Ser Ala Ala Gln His Ser Phe Thr Pro Pro Ile Ser Pro Ser Gly Asn
      370                      375                      380
Gly Ser Met Pro His Ser Ser Met Gly Trp Pro Gln Gln Asn Ile Pro
385                      390                      395                      400
Ala Leu Asn Leu Pro Gly Ser Asn Ile Gln Leu Ser Arg Leu Arg Ser
          405                      410                      415
Ser Leu Asn Ala Arg Asp Ile Pro Ser Glu Gln Leu Ser Met Leu His
          420                      425                      430
Glu Phe Glu Met Gln Arg Gln Leu Ala Gly Asp Met His Ser Pro Arg
          435                      440                      445
Phe Met Asn His Ser Ala Arg Pro Lys Thr Leu Asn Pro Ser Asn Leu
          450                      455                      460
Glu Glu Leu Phe Ser Ala Glu Val Ala Ser Pro Arg Phe Ser Asp Gln
465                      470                      475                      480
Leu Ala Val Ser Ser Val Leu Ser Pro Ser His Lys Ser Ala Leu Leu
          485                      490                      495
Asn Gln Leu Gln Asn Asn Lys Gln Ser Met Leu Ser Pro Ile Lys Thr
          500                      505                      510
Asn Leu Met Ser Ser Pro Lys Asn Val Glu Gln His Ser Leu Leu Gln
          515                      520                      525
Gln Ala Ser Ser Pro Arg Gly Gly Glu Pro Ile Ser Pro Met Asn Ala
          530                      535                      540
Arg Met Lys Gln Gln Leu His Ser Arg Ser Leu Ser Ser Arg Asp Phe
545                      550                      555                      560
Gly Ser Ser Leu Pro Arg Asp Leu Met Pro Thr Asp Ser Gly Ser Pro
          565                      570                      575
Leu Ser Pro Trp Ser Ser Trp Asp Gln Thr His Gly Ser Lys Val Asp
          580                      585                      590
Trp Ser Val Gln Ser Asp Glu Leu Gly Arg Leu Arg Lys Ser His Ser
          595                      600                      605
Leu Ala Asn Asn Pro Asn Arg Glu Ala Asp Val Ser Trp Ala Gln Gln
          610                      615                      620
Met Leu Lys Asp Ser Ser Ser Pro Arg Asn Gly Asn Arg Val Val Asn
625                      630                      635                      640
Met Asn Gly Ala Arg Pro Leu Thr Gln Gly Gly Ser Ser Val Asn Pro
          645                      650                      655
His Asn Ser Asp Thr Arg Glu Ser Asp Ile Leu Asp Ala Trp Leu Glu
          660                      665                      670
Gln Leu His Leu Asp Arg
          675

```

<210> 52  
 <211> 640  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 52

```

Met Gly Leu Trp Tyr Arg Arg Gln Arg Phe Val Arg Arg Met Val Leu
 1                      5                      10                      15
Glu Gln Arg Thr Pro Leu Met Val Ala Ser Leu Tyr Gly Ser Leu Asp
          20                      25                      30
Val Val Lys Phe Ile Leu Ser Phe Pro Glu Ala Glu Leu Asn Leu Ser
          35                      40                      45
Cys Gly Pro Asp Lys Ser Thr Ala Leu His Cys Ala Ala Ser Gly Ala
          50                      55                      60
Ser Val Asn Ser Leu Asp Val Val Lys Leu Leu Leu Ser Val Gly Ala
65                      70                      75                      80
Asp Pro Asn Ile Pro Asp Ala His Gly Asn Arg Pro Val Asp Val Leu

```

10

ES 2 558 133 T3

				85					90				95		
Val	Val	Ser	Pro	His	Ala	Pro	Gly	Leu	Arg	Thr	Ile	Leu	Glu	Glu	Ile
			100					105					110		
Leu	Lys	Lys	Asp	Glu	Ile	Ile	Ser	Glu	Asp	Leu	His	Ala	Ser	Ser	Ser
		115					120					125			
Ser	Leu	Gly	Ser	Ser	Phe	Arg	Ser	Leu	Ser	Ser	Ser	Pro	Asp	Asn	Gly
	130					135					140				
Ser	Ser	Leu	Leu	Ser	Leu	Asp	Ser	Val	Ser	Ser	Pro	Thr	Lys	Pro	His
145					150					155					160
Gly	Thr	Asp	Val	Thr	Phe	Ala	Ser	Glu	Lys	Lys	Glu	Tyr	Pro	Ile	Asp
				165					170					175	
Pro	Ser	Leu	Pro	Asp	Ile	Lys	Ser	Gly	Ile	Tyr	Ser	Thr	Asp	Glu	Phe
			180					185					190		
Arg	Met	Phe	Ser	Phe	Lys	Ile	Arg	Pro	Cys	Ser	Arg	Ala	Tyr	Ser	His
		195					200					205			
Asp	Trp	Thr	Glu	Cys	Pro	Phe	Ala	His	Pro	Gly	Glu	Asn	Ala	Arg	Arg
	210					215					220				
Arg	Asp	Pro	Arg	Lys	Phe	His	Tyr	Thr	Cys	Val	Pro	Cys	Pro	Asp	Phe
225					230					235					240
Lys	Lys	Gly	Ser	Cys	Lys	Gln	Gly	Asp	Met	Cys	Glu	Tyr	Ala	His	Gly
				245				250						255	
Val	Phe	Glu	Cys	Trp	Leu	His	Pro	Ala	Gln	Tyr	Arg	Thr	Arg	Leu	Cys
			260					265					270		
Lys	Asp	Gly	Met	Gly	Cys	Asn	Arg	Arg	Val	Cys	Phe	Phe	Ala	His	Ala
		275					280					285			
Asn	Glu	Glu	Leu	Arg	Pro	Leu	Tyr	Pro	Ser	Thr	Gly	Ser	Gly	Leu	Pro
	290					295					300				
Ser	Pro	Arg	Ala	Ser	Ser	Ala	Val	Ser	Ala	Ser	Thr	Met	Asp	Met	Ala
305					310					315					320
Ser	Val	Leu	Asn	Met	Leu	Pro	Gly	Ser	Pro	Ser	Ala	Ala	Gln	His	Ser
			325						330					335	
Phe	Thr	Pro	Pro	Ile	Ser	Pro	Ser	Gly	Asn	Gly	Ser	Met	Pro	His	Ser
			340					345					350		
Ser	Met	Gly	Trp	Pro	Gln	Gln	Asn	Ile	Pro	Ala	Leu	Asn	Leu	Pro	Gly
		355					360					365			
Ser	Asn	Ile	Gln	Leu	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Ser	Leu	Asn	Ala	Arg	Asp
	370					375					380				
Ile	Pro	Ser	Glu	Gln	Leu	Ser	Met	Leu	His	Glu	Phe	Glu	Met	Gln	Arg
385					390					395					400
Gln	Leu	Ala	Gly	Asp	Met	His	Ser	Pro	Arg	Phe	Met	Asn	His	Ser	Ala
			405					410						415	
Arg	Pro	Lys	Thr	Leu	Asn	Pro	Ser	Asn	Leu	Glu	Glu	Leu	Phe	Ser	Ala
			420					425					430		
Glu	Val	Ala	Ser	Pro	Arg	Phe	Ser	Asp	Gln	Leu	Ala	Val	Ser	Ser	Val
		435					440					445			
Leu	Ser	Pro	Ser	His	Lys	Ser	Ala	Leu	Leu	Asn	Gln	Leu	Gln	Asn	Asn
	450					455					460				
Lys	Gln	Ser	Met	Leu	Ser	Pro	Ile	Lys	Thr	Asn	Leu	Met	Ser	Ser	Pro
465					470					475					480
Lys	Asn	Val	Glu	Gln	His	Ser	Leu	Leu	Gln	Gln	Ala	Ser	Ser	Pro	Arg
				485					490					495	
Gly	Gly	Glu	Pro	Ile	Ser	Pro	Met	Asn	Ala	Arg	Met	Lys	Gln	Gln	Leu
			500					505					510		
His	Ser	Arg	Ser	Leu	Ser	Ser	Arg	Asp	Phe	Gly	Ser	Ser	Leu	Pro	Arg
		515					520					525			
Asp	Leu	Met	Pro	Thr	Asp	Ser	Gly	Ser	Pro	Leu	Ser	Pro	Trp	Ser	Ser
	530					535					540				
Trp	Asp	Gln	Thr	His	Gly	Ser	Lys	Val	Asp	Trp	Ser	Val	Gln	Ser	Asp
545					550					555					560



ES 2 558 133 T3

Glu Leu Gly Arg Leu Arg Lys Ser His Ser Leu Ala Asn Asn Pro Asn  
 565 570 575  
 Arg Glu Ala Asp Val Ser Trp Ala Gln Gln Met Leu Lys Asp Ser Ser  
 580 585 590  
 Ser Pro Arg Asn Gly Asn Arg Val Val Asn Met Asn Gly Ala Arg Pro  
 595 600 605  
 Leu Thr Gln Gly Gly Ser Ser Val Asn Pro His Asn Ser Asp Thr Arg  
 610 615 620  
 Glu Ser Asp Ile Leu Asp Ala Trp Leu Glu Gln Leu His Leu Asp Arg  
 625 630 635 640

<210> 53  
 <211> 2158  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 53

tgctccttct tcattgcaaa gaaagcacca ccttttaag aatcctcctc acactccatt 60  
 cttcttaaaa aaccaccac aacacaattc ccacttgttt cttcatcctc acctacttca 120  
 atcaaaaaac attccaactt tcttctcaat ttcattccag gatagtatta tgtgcagtgg 180  
 accaaagagc aatctctgct cttcaagaac cttaacagaa atcgaatcaa ggcaaaagga 240  
 agaagaaca atgcttctcc tcgaattcgc tgcttgtgat gatcttgact cgttcaagag 300  
 agaggttgaa gagaaagggc ttgatttggg tgagtcaggg ttatgggtatt gcagacgtgt 360  
 cggttctaag aagatgggtc ttgaagaaag aacaccttta atggttgcag ctatgtatgg 420  
 aagcataaag gtttgactt tcatcgtttc cactggaaaa tctgatgtga acagagcttg 480  
 tgggtaagag agagttactc cgcttactg tgctgttgcg ggcgttctg tgaatatgat 540  
 tgaagtcac aatgtcttgc ttgatgcttc tgctttgggt aactctgttg atgctaagg 600  
 gaatcaacct ttggatgtgt ttgttcgagt ttcgaggttt gtggctagtc cgaggaggaa 660  
 agcggttgag ttgttctga gaggaggagg tgttggagga ttgatcgtat aggcggttga 720  
 agaagagatc aagattgtct ctaagtatcc agctgatgct tctttaccgg atataaacga 780  
 aggggtttat ggaagtgatg agtttaggat gtatagcttt aaggtttaagc catgttctag 840  
 ggcttattct catgattgga ccgagtgtgc tttgttccat ccgggagaaa atgagaggag 900  
 gagagatccg aggaagtatc cttacacttg tgtcccctgt cccgagttcc gtaaaggatc 960  
 atgcccgaag ggagattctt gcgagtatgc tcacgggggt ttcgagtcgt ggcttcaccc 1020  
 cgcgagatc aaaaccggc tttgtaaaga tgaaacgggt tgtgcaagga aagtttgttt 1080  
 ctttgcctat aaacgcgaag agatgagacc tgtaaatgct tcaactggct ctgccgtggc 1140  
 ttagctccg tttagcagct tggagatgat gccagggttg tctcctcttg cttattcttc 1200  
 aggagtctcg actcctcgg tttctccaat ggctaattgt gtctctctc ctccaagaaa 1260  
 cggcggatca tggcagaaca gactcaatac cttactcca ccggctttgc agctcaatgg 1320  
 tggagcaga ttgaagtcca cactgagcgc tagagatata gatatggaga tggagatgga 1380  
 attgagactc cgcggttttg gcaacaatgt ggaagagacg ttcgggtctt atgttctctc 1440  
 tccaagtagg aattctcaaa tgggtcaaaa catgaaccaa cattatccat cttcccgggt 1500  
 gagacaaccg ccatctcaac acgggttoga atcttcagca gctgcagcgg ttgcagtgat 1560  
 gaaagcgaga tcaaccgctt ttgcgaaacg tagcttgagc ttcaccagag ctactcaagc 1620  
 agcaccacag tcgaatctct cggattgggg atctccaaac gggagagctgg aatggggaat 1680  
 gaaaggagaa gagctgaata agatgagaag aagtgtttcc tttggaatcc atggaaacaa 1740  
 caacaataac gcagctagag actacagggg cgagccagat gtgtcatggg ttaactcttt 1800  
 agttaagac agtactgtgg tgtctgagag aagctttgga atgaatgaga gggttcggat 1860  
 aatgtcgtgg gctgagcaaa tgtacagaga gaaggagcag actgtgggtg aaacacacac 1920  
 aaagatgggt tcttatatat attgcttttg ggccatctct gcaaatttga tcttttaatt 1980  
 tttgtgactt tctttagttg ttactgttat tagtagtata tggtttgggt tcaactagag 2040  
 tctacgtgat gaaaagatag aagttaattg cattagtttc tatattcgtt tctcatctc 2100  
 ttgtaattta tcaaacctatg aaatggctaa gcaatccaaa ccgaaaaaaa aaaaaaaa 2158

10

<210> 54  
 <211> 2193  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

15

<400> 54

ES 2 558 133 T3

```

aatccgaaaa gtttctgcac cgttttcacc ccctaactaa caatataggg aacgtgtgct      60
aaatataaaa tgagacctta tatatgtagc gctgataact agaactatgc aagaaaaact     120
catccaccta ctttagtggc aatcgggcta aataaaaaag agtcgctaca ctagtctcgt     180
tttccctagt 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 attatttate ttttttcgat tagatgcaag     540
gtacttacgc acacactttg tgctcatgtg catgtgtgag tgcacctcct caatacacgt     600
tcaactagca acacactctc aatcacctc gcctatttaa accttttaata atatctaaaa tacaaaaaat     660
tgaattcaag cactccacca tcaccagacc acttttaata atatctaaaa tacaaaaaat     720
aattttacag aatagcatga aaagtatgaa acgaaactatt taggtttttc acatacaaaa     780
aaaaaaagaa ttttgctcgt gcgagagcgc caatctccca tattgggcac acaggcaaca     840
acagagtggc tgcccacaga acaaccacaca aaaaacgatg atctaacgga ggacagcaag     900
tccgcaacaa ctttttaaca gcaggctttg cggccaggag agaggaggag aggcaaaaga     960
aaccaagcat cctcctcctc ccatctataa attcctcccc ccttttcccc tctctatata    1020
ggaggcatcc aagccaagaa gagggagagc accaaggaca cgcgactagc agaagccgag    1080
cgaccgcctt cttcgatcca tatcttcggg tcgagttctt ggtcgatctc ttccctcctc    1140
cacctcctcc tcacagggta tgtgcctctt ggttgttctt ggatttattg ttctaggttg    1200
tgttagtcgg gcgttgatgt taggaaaggg gatctgtatc tgtgatgatt cctgttcttg    1260
gatttgggat agaggggttc ttgatgttgc atgttatcgg ttcggtttga ttagtagtat    1320
ggttttcaat cgtctggaga gctctatgga aatgaaatgg tttagggtac ggaatcttgc    1380
gattttgtga gtaccttttg tttgaggtaa aatcagagca ccggtgattt tgcttgggtg    1440
aataaaagta cggttgtttg gtctctgatt ctggtagtga tgcttctcga tttgacgaag    1500
ctatcctttg tttattccct attgaacaaa aataatccaa ctttgaagac ggtcccgttg    1560
atgagattga atgattgatt ctttaagcctg tccaaaattt cgcagctggc ttgtttagat    1620
acagtagtcc ccatcacgaa attcatggaa acagttataa tcctcaggaa caggggattc    1680
cctgttcttc cgatttgctt tagtcccaga attttttttc ccaaatactt taaaaagtca    1740
ctttctgggt cagttcaatg aattgattgc tacaataaat gcttttatag cgttatccta    1800
gctgtagttc agttaatagg taatacccct atagtttagt caggagaaga acttatccga    1860
ttctgatctc ccatttttaa ttatatgaaa tgaactgtag cataagcagt attcatttgg    1920
attatttttt ttattagctc tcacccttctc attattctga gctgaaagtc tggcatgaac    1980
tgctctcaat tttgttttca aattcacatc gattatctat gcattatcct cttgtatcta    2040
cctgtagaag tttctttttg gttattcctt gactgcttga ttacagaaag aaatttatga    2100
agctgtaatc gggatagtta tactgcttgt tcttatgatt catttccttt gtgcagttct    2160
tgggtgtagct tgccactttc accagcaaaag ttc
    2193

```

<210> 55  
 <211> 1827  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*  
 <400> 55

5

ES 2 558 133 T3

gcttgagtca	tagggagaaa	acaaatcgat	catatnttgac	tcttttccct	ccatctctct	60
taccggcaaa	aaaagtagta	ctggtttata	tgtaaagtaa	gattctttaa	ttatgtgaga	120
tccggcttaa	tgcttttctt	ttgtcacata	tactgcattg	caacaattgc	catatattca	180
cttctgccat	cccattatat	agcaactcaa	gaatggattg	atatatcccc	tattactaat	240
ctagacatgt	taaggctgag	ttgggcagtc	catcttccca	accaccacc	ttcgtttttc	300
gcgcacatac	ttttcaaact	actaaatggt	gtgtttttta	aaaatatttt	caatacaaaa	360
gttgctttta	aaaattatat	tgatccattt	ttttaaaaaa	aatagcta	acttaattaa	420
tcacgtgtta	aaagaccgct	ccgttttgcg	tgccaggagg	ataggttca	atcctgcatt	480
accgaacaca	gcctaaatct	tgttgtctag	attcgtagta	ctggatata	taaatacatgt	540
tctaagttac	tatatactga	gatgaataga	ataagtaaaa	ttagaccac	cttaagtctt	600
gatgaagtta	ctactagctg	cgtttgggag	gacttcccaa	aaaaaaaaag	attagccatt	660
agcacgtgat	taattaagta	ctagttttaa	aaacttaaaa	aataaattaa	tatgattctc	720
ttaagtaact	ctcctataga	aaacttttac	aaaattacac	cgtttaata	tttggaata	780
atgtcagtaa	aaaataagag	agtagaagtt	atgaaagtta	gaaaaagaat	tgtttttagta	840

gtatacagtt	ataaactatt	ccctctgttc	taaaacataa	gggattatgg	atggattcga	900
catgtaccag	taccatgaat	cgaatccaga	caagtttttt	atgcatat	attctactat	960
aatatatcac	atctgctcta	aatatcttat	atctcgaggt	ggagactgtc	gctatgtttt	1020
tctgcccgtt	gctaagcaca	cgccacccc	gatgcgggga	cgctctggc	cttcttgcca	1080
cgataattga	atggaacttc	cacattcaga	ttcgataggt	gaccgtcgac	tccaagtgtc	1140
ttgcacaaaa	caactccggc	ctcccggcca	ccagtcacac	gactcacggc	actaccacc	1200
ctgactccct	gaggcggacc	tgccactggt	ctgcatcgga	agctatctaa	aattctgaag	1260
caaagaaagc	acagcacatg	ctccgggaca	cgcgccacc	ggcggaaaag	ggctcgggtg	1320
ggcgatctca	cagccgcata	tcgcatttca	caagccgcc	atctccaccg	gcttcacgag	1380
gctcatcgcg	gcacgaccgc	gcacggaacg	cacgcggccg	acccgcgcgc	ctcgatgcgc	1440
gagcccaccc	gcgcggtcct	ccctttgctt	ttgcccgtat	cctctcggtc	gtatcccgtt	1500
tctctgtctt	ttgctccccg	gcgcgcgcca	gttcggagta	ccagcgaaac	ccggacacct	1560
ggtacacctc	cgccggccac	aacgcgtgtc	cccctacgtg	gcgcgcgacg	acatgcccac	1620
gcgcgacacg	tgacacctct	catccaaact	ctcaagtctc	aacggctcta	taaatagcacg	1680
gatagcctca	agctgctcgt	cacaaggcaa	gaggcaagag	gcaagagcat	ccgtattaac	1740
cagccttttg	agacttgaga	gtgtgtgtga	ctcgatccag	cgtagtttca	gttcgtgtgt	1800
tggtgagtga	ttccagccaa	gtttgcg				1827

- <210> 56
- <211> 2194
- <212> ADN
- <213> *Oryza sativa*
- <400> 56

5

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	atTTTtatagt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatTTTTat	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	ttttttcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgcaacctct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatTTaa	tacatttagg	tagcaatatc	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	actTTTtaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aatTTTtacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtTTTTc	acatacaaaa	780
aaaaaaagaa	TTTTgtcgt	gcgcgagcgc	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgccacaga	acaaccaca	aaaaacgatg	atctaaccgga	ggacagcaag	900
tccgcaacaa	cTTTTaaca	gcaggctttg	cgccaggag	agaggaggag	aggcaaaagaa	960
aaccaagcat	cctccttctc	ccatctataa	atcctcccc	cTTTTcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gaggagagc	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	ctcgatccat	atcttccggg	cgagttcttg	gtcgatctct	tcctcctcc	1140
acctcctcct	cacaggggat	gtgctcctc	tcggttggtc	ttggatttat	tgttctaggt	1200
tgtgtagtac	gggcgttgat	gttaggaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggatttggg	atagaggggt	tcttgatggt	gcagtttatc	ggttcgggtt	gatttagtagt	1320
atggTTTTca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggTTtaggga	tcggaatcct	1380
gcgattttgt	gagtaccttt	tgTTtgaggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acggttggtt	ggtcctcgat	tctggtagtg	atgcttctcg	atTTgacgaa	1500
gctatccttt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actTTgaaga	cggtcccgtt	1560
gatgagattg	aatgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tcgcagctgg	cttgTTtaga	1620
tacagtatgc	cccatacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
ccctgttctt	ccgatttgc	ttagtcccag	aatTTTTttt	cccaaatatc	ttaaaaagtc	1740
actttctggg	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tgctTTtata	gcgTTatcct	1800
agctgtagtt	cagttaatag	gtaatacccc	tatagTTtag	tcaggagaag	aaacttatccg	1860
atTTctgatc	tccattTTta	attatatgaa	atgaactgta	gcataagcag	tattcatttg	1920
gattatTTTT	tttatttagct	ctcaccctt	cattattctg	agctgaaagt	ctggcatgaa	1980
ctgtcctcaa	TTTTgtTTTc	aaattcacat	cgattatcta	tgcaattatcc	tcttgTatct	2040
acctgtagaa	gtttctTTTT	ggttattcct	tgactgcttg	attacagaaa	gaaatttatg	2100
aagctgtaat	cgggatagtt	atactgcttg	ttcttatgat	tcatttctct	tgtgcagttc	2160
ttggtgtagc	ttgccacttt	caccagcaaa	gttc			2194

- 5 <210> 57
- <211> 46
- <212> PRT
- <213> Secuencia artificial
- 10 <220>
- <223> Dominio HNS
- <220>
- <221> VARIANTE
- <222> (3)..(3)
- <223> /sustituir = "Lys"
- 15 <220>
- <221> INCIERTO
- <222> (4)..(4)
- <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
- 20 <220>
- <221> VARIANTE
- <222> (6)..(6)
- <223> /sustituir = "Glu"
- 25

5  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (7)..(7)  
 <223> /sustituir = "Asp"

10  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (9)..(9)  
 <223> /sustituir = "Asn"

15  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (10)..(10)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

20  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (13)..(13)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

25  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (14)..(14)  
 <223> /sustituir = "Ala" /sustituir = "Lys"

30  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (16)..(16)  
 <223> /sustituir = "Val" /sustituir = "Met"

35  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (17)..(17)  
 <223> /sustituir = "Asp" /sustituir = "Ser"

40  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (18)..(18)  
 <223> /sustituir = "Asn"

45  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (21)..(21)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

50  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (23)..(23)  
 <223> /sustituir = "Arg"

55  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (24)..(25)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

60  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (28)..(28)  
 <223> /sustituir = "Asp" /sustituir = "Ser"

65

5  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (29)..(30)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

10  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (32)..(32)  
 <223> /sustituir = "Ser" /sustituir = "Gln"

15  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (33)..(33)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

20  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (35)..(35)  
 <223> /sustituir = "His"

25  
 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (36)..(36)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

30  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (39)..(39)  
 <223> /sustituir = "Leu" /sustituir = "Val"

35  
 <220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (43)..(43)  
 <223> /sustituir = "Thr"

<400> 57

```

Ile Gln Gln Xaa Leu Asp Glu Asn Lys Xaa Leu Ile Xaa Cys Ile Leu
1          5          10          15
Glu Ser Gln Asn Xaa Gly Lys Xaa Xaa Glu Cys Ala Xaa Xaa Gln Ala
          20          25          30
Xaa Leu Gln Xaa Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp
          35          40          45
  
```

40  
 <210> 58  
 <211> 46  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

45  
 <400> 58

```

Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val
1          5          10          15
Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala
          20          25          30
Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp
          35          40          45
  
```

50  
 <210> 59  
 <211> 633  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

ES 2 558 133 T3

<400> 59

```

atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggctg gttactaccc cagcaatggt      60
acctctgatc atatccaaca gtacttggac gaaaacaaat cgttgattct gaagattggt      120
gagtctcaaa actctggaaa gcttagcgaa tgcgccgaga atcaagcaag gcttcaacgc      180
aacctaattg acctagctgc aatagcagat tctcagcctc agccaccaag tgtgcatagc      240
cagtatggat ctgctgggtg tgggatgatt cagggagaag gagggtcaca ctatttcagc      300
cagcaacaag cgactcaaca gcaacagatg actcagcagt ctctaattggc ggctcgatct      360
tcaatgttgt atgctcagca acagcagcag cagcagcctt acgcgacgct tcagcatcag      420
caattgcacc atagccagct tggaatgagc tcgagcagcg gaggaggagg aagcagtggg      480
ctccatatcc ttcagggaga ggctgggtgg tttcatgatt ttggccgtgg gaagccggaa      540
atgggaagtg gtgggtggcg tgaaggcaga ggaggaagtt caggggatgg tggagaaacc      600
ctttacttga aatcatcaga tgatgggaat tga                                     633
    
```

5 <210> 60  
 <211> 210  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

10 <400> 60

```

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Gly Tyr Tyr
1          5          10          15
Pro Ser Asn Val Thr Ser Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
20          25          30
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
35          40          45

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

15 <210> 61  
 <211> 588  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

20 <400> 61

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agcagtcctcc gcaaagtgtt ccgatgggtc cgtcgattcc cctgctaac      60
aacatcacta ccgaacagat ccaaaagtac cttgatgaga acaagaagct gattatggcc      120
atcatggaaa accagaatct cggtaaactt gctgagtgcg cccagtacca agctcttctc      180
cagaagaact tgatgtatct tgctgcaatt gctgatgctc aacccccacc acctacgcca      240
ggaccttcac catctacagc tgctgctgcc cagatggcaa caccgcattc tgggatgcaa      300
ccacctagct acttcatgca acaccacaaa gcatccccctg cagggatttt cgctccaagg      360
ggtcctttac agtttggtag cccactccag tttcaggatc cgcaacagca gcagcagata      420
catcagcaag ctatgcaagg acacatgggg attagaccaa tgggtatgac caacaacggg      480
atgcagcatg cgatgcaaca accagaaacc ggtcctggag gaaacgtggg gcttagagga      540
ggaaagcaag atggagcaga tggacaagga aaagatgatg gcaagtga      588

```

<210> 62  
 <211> 195  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 62

```

Met Gln Gln Gln Gln Ser Pro Gln Met Phe Pro Met Val Pro Ser Ile
1          5          10          15
Pro Pro Ala Asn Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp
          20          25          30
Glu Asn Lys Lys Leu Ile Met Ala Ile Met Glu Asn Gln Asn Leu Gly
          35          40          45
Lys Leu Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Leu Leu Gln Lys Asn Leu
          50          55          60
Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Pro Pro Pro Thr Pro
65          70          75          80
Gly Pro Ser Pro Ser Thr Ala Val Ala Ala Gln Met Ala Thr Pro His
          85          90          95
Ser Gly Met Gln Pro Pro Ser Tyr Phe Met Gln His Pro Gln Ala Ser

          100          105          110
Pro Ala Gly Ile Phe Ala Pro Arg Gly Pro Leu Gln Phe Gly Ser Pro
          115          120          125
Leu Gln Phe Gln Asp Pro Gln Gln Gln Gln Ile His Gln Gln Ala
          130          135          140
Met Gln Gly His Met Gly Ile Arg Pro Met Gly Met Thr Asn Asn Gly
145          150          155          160
Met Gln His Ala Met Gln Gln Pro Glu Thr Gly Leu Gly Gly Asn Val
          165          170          175
Gly Leu Arg Gly Gly Lys Gln Asp Gly Ala Asp Gly Gln Gly Lys Asp
          180          185          190
Asp Gly Lys
          195

```

10

<210> 63  
 <211> 672  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

15

<400> 63



ES 2 558 133 T3

```

atgcagcaat ctccacagat gattccgatg gttcttcctt catttccgcc caccaataat      60
atcaccaccg aacagatcca aaagtatctt gatgagaaca agaagctgat aatggcgatc      120
ttggaaaatc agaacctcgg taaacttgca gaatgtgctc agtatcaage tcttctccag      180
aagaatttga tgtatctcgc tgcaattgcg gatgctcaac ctcagccacc agcagctaca      240
ctaacatcag gagccatgac tccccaaagca atggctccta atccgtcatc aatgcagcca      300
ccaccaagct acttcatgca gcaacatcaa gctgtgggaa tggctcaaca aatacctcct      360
gggattttcc ctctagagg tccattgcaa tttggtagcc cgcacagtt tctggatccg      420
cagcaacagt tacatcaaca agctatgcaa gggcacatgg ggattagacc aatggggttg      480
aataataaca acggactgca acatcaaatg caccaccatg aaactgctct tgccgcaaac      540
aatgcgggtc ctaacgatgc tagtggagga ggtaaaccgg atgggaccaa tatgagccag      600
agtggagctg atgggcaagg tggctcagcc gctagacatg gcggtggtga tgcaaaaact      660
gaaggaaaaat ga                                                    672

```

<210> 64  
 <211> 223  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 64

```

Met Gln Gln Ser Pro Gln Met Ile Pro Met Val Leu Pro Ser Phe Pro
1          5          10          15
Pro Thr Asn Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu
          20          25          30
Asn Lys Lys Leu Ile Met Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys
          35          40          45
Leu Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Leu Leu Gln Lys Asn Leu Met
          50          55          60
Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Pro Pro Ala Ala Thr
65          70          75          80
Leu Thr Ser Gly Ala Met Thr Pro Gln Ala Met Ala Pro Asn Pro Ser
          85          90          95
Ser Met Gln Pro Pro Pro Ser Tyr Phe Met Gln Gln His Gln Ala Val
          100          105          110
Gly Met Ala Gln Gln Ile Pro Pro Gly Ile Phe Pro Pro Arg Gly Pro
          115          120          125
Leu Gln Phe Gly Ser Pro His Gln Phe Leu Asp Pro Gln Gln Gln Leu
          130          135          140
His Gln Gln Ala Met Gln Gly His Met Gly Ile Arg Pro Met Gly Leu
145          150          155          160

```

```

Asn Asn Asn Asn Gly Leu Gln His Gln Met His His His Glu Thr Ala
          165          170          175
Leu Ala Ala Asn Asn Ala Gly Pro Asn Asp Ala Ser Gly Gly Gly Lys
          180          185          190
Pro Asp Gly Thr Asn Met Ser Gln Ser Gly Ala Asp Gly Gln Gly Gly
          195          200          205
Ser Ala Ala Arg His Gly Gly Asp Ala Lys Thr Glu Gly Lys
          210          215          220

```

10

<210> 65  
 <211> 633  
 <212> ADN  
 <213> *Aspergillus officinalis*

15

<400> 65

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcaa cctacgggtc accgaatcag      60
gtcaccaccg atatcattca gcagtatctg gacgagaaca agcagttgat tctggctatt      120
cttgaaaacc aaaattcagg aaaagctgat gaatgtgctg agaatcaggc taagcttcag      180
aggaatctga tgtatcttgc agccattgcg gatagccagc cccaagttcc taccattgct      240
cagtatcctc ccaacgctgt tgctgctatg caatcgagtg ctgctacat gcaacaacac      300
caagcagctc aacagatgac cctcaatct ctcatggctg ctgctcctc aatgctctac      360
tcacagtccc caatgtctgc actccagcag caacagcagc aagcagcaat gcatagccag      420
ctcgccatga gctccggagg caacaacagc agcaccggag gattcaccat tcttcatggt      480
gaagctagca taggaggcaa tggctcaatg aattctgggt gagtctttgg agattttgga      540
cggagcagcg gtgggaagca agagactggg agcgaagggc acgggacaga gactcctatg      600
tacctgaaag gctctgaaga agaaggaaac tga                                     633

```

<210> 66  
 <211> 210  
 <212> PRT  
 <213> *Aspergillus officinalis*

5

<400> 66

```

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

```

Gly Asn  
 210

10

<210> 67  
 <211> 591  
 <212> ADN  
 <213> *Brassica napus*

15

<400> 67

ES 2 558 133 T3

```

atgcagccca tgatggctgg ttactacccc agcaatgtca cctctgatca tatccagcag      60
tacttggatg agaacaagtc tttgattctg aagatagttg agtctcaaaa ctcaggaaag      120
ctcagcgagt gtgccgagaa tcaggcaagg cttcaacgca acctcatgta cttggctgca      180
atagcagatt ctcagcctca acctccaagc gtgcatagcc agtatggatc tgctgggtggt      240
ggggttgattc agggagaagg agcgtcacac tatttgcagc agcaacaggc gactcaacag      300
cagcagatga ctcagcagtc tcttatggca gctcgttctt caatgatgta tcagcagcag      360
caacagcctt atgcaacgct tcagcatcag cagttgcacc atagccagct tgggatgagc      420
tctagcagcg gaggaggaag cagtgggtct catatccttc agggagaggc tgggtgggttt      480
catgaatttg gccgtgggaa gccggagatg ggaagtgggt aaggcagggg tggaagctca      540
ggggatggtg gagaaacact ctacttgaag tcatcagatg atgggaactg a                591

```

<210> 68  
 <211> 203  
 <212> PRT  
 <213> *Brassica napus*

5

<400> 68

```

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

```

10

<210> 69  
 <211> 663  
 <212> ADN  
 <213> *Citrus sinensis*

15

<400> 69

ES 2 558 133 T3

```

atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttattatcc caacaacgtc      60
actactgacc acattcaaca gtatctagat gagaacaaat cattgatttt gaagattggt      120
gagagccaga attcagggaa actgagcgag tgtgcagaga accaggcaag attgcagcgg      180
aatctcatgt acctggctgc tattgctgat gctcaacccc aaccacctag cgttcatgcc      240
cagttctctt ctgggtggcat tatgcagcca ggagctcact atatgcaaca ccagcaatct      300
cagccaatga caccacagtc acttatggct gcacgctcat ccatggtgta ctctcaacag      360
caatthtcag tgcttcagca acagcaagcc ttgcatggtc agcttggcat gagctctggt      420
ggtagctcag gacttcacat gctgcaaagt gagggtagta ctgcaggagg tagtggttca      480
cttgggggtg ggggattecc tgatthtggc cgtggctcat ctggtgaagg cttgcactca      540
aggggaatgg ggagcaagca tgatataggc agttctggat ctgctgaagg acgaggaggg      600
agctcaggaa gccaaagatgg aggcgaaact ctctacttga aaggggctga tgatggaat      660
taa
    
```

<210> 70  
 <211> 219  
 <212> PRT  
 <213> *Citrus sinensis*

5

<400> 70

```

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

10

<210> 71  
 <211> 660  
 <212> ADN  
 <213> *Gossypium arboreum*

15

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (309)..(309)  
 <223> n e s a, c, g o t

20

<400> 71

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttattatcc caacaacgtc      60
actactgata atattcaaca gtatctcgat gagaacaagt cattgatctt aaagattggt      120
gagagccaga attctgggaa attgagtgaa tgtgctgaga accaagcaag gctgcagcga      180
aacctcatgt acctggctgc cattgcggat totcaacccc aaccacccac cgtgcatgca      240
cagtttccat ctgggtggtat catgcagcaa ggagctgggc actacatgca gcaccaacaa      300
gctcaacana tgacacaaca gtcgcttatg gctgctcggt cctcaatggt gtattctcag      360
caaccatttt ctgcactgca acaacaacaa caacaaggct ttgcacagtc agcttggcat      420
gagctctggc gggagcacag gcctttcata tgctgcaaac tgaatctagt actgcagggg      480
gcagtgagac accttggggc cgaggggtgt cctgatttgg acgggggtct tttggagagg      540
catccctggt ggcaggccaa tggccggggg aacaacccaa aatccgggga ggccggctca      600
cctaagggcc gggaggagcc cttggggcag ggggggggtga tggggggaac ctcttcttaa      660

```

5 <210> 72  
 <211> 219  
 <212> PRT  
 <213> *Gossypium arboreum*

10 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (103)..(103)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 72

```

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

```

15 <210> 73  
 <211> 636  
 <212> ADN  
 <213> *Medicago trunculata*

<400> 73

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttactatcc taacaacgtc      60

actactgata atattcaaca gtatcttgat gagaacaagt ccttgattct caagattggt      120
gaaagccaga aacttgccaa gctcaccgag tgtgctgaga accaatcaag gcttcagaga      180
aatctcatgt acctagctgc aatagctgat tctcaacccc aaccacctac tatgcctggc      240
cagtaccctt caagtggaat gatgcagcag ggaggacact acatgcaggc tcaacaagct      300
cagcagatga cacaacaaca attaatggct gcacgttcct ctcttatgta tgctcaacag      360
cttcaacagc agcaagcctt gcaaagccaa cttgggtatga attccagtgg aagtcaaggc      420
cttcacatgt tgcatagtga aggggctaata gttggaggca attcatctct aggggctggg      480
tttcctgatt ttggccgtag ctcagccggg gatggtttgc acggcagtgg taagcaagac      540
attggaagca ctgatggcgg cgggtggaagc tctagtgggc actctgggtg tggcggcgaa      600
acactttacc tgaatcttc tggatgatggg aattag      636
    
```

5 <210> 74  
 <211> 211  
 <212> PRT  
 <213> *Medicago trunculata*

<400> 74

```

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

10 <210> 75  
 <211> 684  
 <212> ADN  
 15 <213> *Oryza sativa*

<400> 75

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagggcatga tggggggata tgcttccct 60
accaccgtca ccaactgatct cttcagcag tatctggatg agaacaagca gctgatcctg 120
gccatccttg acaaccagaa caatgggaag gtggaagagt gcgctcggaa ccaagctaag 180
ctccagcaca atctcatgta cctcgcgcc atcgcgcaca gccagccgcc gcagacggcc 240
gccatgtccc agtatccgtc gaacctgatg atgcagtccg gggcgaggta catgccgcag 300
cagtcggcgc agatgatggc gccgcagtcg ctgatggcgg cgaggtcttc gatgatgtac 360
gcgcagccgg cgctgtcgcg gctccagcag cagcagcagc agcagggcgg ggcggcgcac 420

```

```

gggcagctgg gcatgggctc ggggggcacc accagcgggt tcagcctcct ccacggcgag 480
gccagcatgg gcggcggcgg cggcggcggg ggcgcgggta acagcatgat gaacgcggcc 540
gtgttctccg acttcggacg cggcggcggc ggcggcggca aggaggggtc cacctcgtg 600
tccgtcgcag tccggggcgc caactccggc gccagagcgg gcgacgggga gtacctcaag 660
ggcaccgagg aggaaggcag ctag 684

```

<210> 76  
 <211> 227  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 76

```

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

```

10

<210> 77  
 <211> 558  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

15

<400> 77

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agccgatgcc gatgcccgcg caggcgcgcg cgacggccgg aatcaccacc      60
gagcagatcc aaaagtatct ggatgaaaac aagcagctta ttttggtat tttggaaaat      120
cagaatctgg gaaagttggc agaatgtgct cagtatcaag cgcagcttca gaagaatctc      180
ttgtacttgg ctgcaattgc tgatactcaa ccgcagacca ctataagccg tccccagatg      240
gtgcccgatg gtgcatcgcc ggggttaggg gggcaataca tgtcgcaggt gccaatgttc      300
ccccccagga cccctctaac gcccagcagc atgcaggagc agcagctgca gcaacagcaa      360
gcccagctgc tctcgttcgg cggtcagatg gttatgaggc ctggcgttgt gaatggcatt      420
cctcagcttc tgcaaggcga aatgcaccgc ggagcagatc accagaacgc tggcggggcc      480
acctcggagc ctcccgagag ccacaggagc accggcaccg aaaatgacgg tgggaagcgac      540
ttcggcgatc aatcctaa

```

<210> 78  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 78

```

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

```

10

<210> 79  
 <211> 618  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

15

<400> 79

```

atgcagcagc agatggccat gccggcgggg gccgcgcgcg ccgcgggtgcc gccggcggcc      60
ggcatcacca ccgagcagat ccaaaagtat ttggatgaaa ataaacagct aattttggcc      120
atcctggaaa atcaaaacct agggaagttg gctgaatgtg ctcagtacca agctcagctt      180
caaaagaate tcttgatctt ggctgccatt gcagatgccc aaccacctca gaatccagga      240
agtcgccctc agatgatgca gctggtgct accccagggtg ctgggcatta catgtcccaa      300
gtaccgatgt tccctccaag aactccctta accccacaac agatgcaaga gcagcagcag      360
cagcaactcc agcaacagca agctcaggct ctagccttcc ccggccagat gctaatgaga      420
ccaggtaactg tcaatggcat gcaatctatc ccagttgctg accctgctcg cgcagccgat      480
cttcagacgg cagcaccggg ctcggtagat ggccgaggaa acaagcagga tgcaacctcg      540
gagccttcog ggaccgagag ccacaagagt gcgggagcag ataacgacgc aggcggtgac      600
atagcggaga agtcctga

```



ES 2 558 133 T3

<210> 80  
 <211> 205  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

5

<400> 80

```

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

10

<210> 81  
 <211> 540  
 <212> ADN  
 <213> *Solanum tuberosum*

15

<400> 81

```

atgcagcagc agcacctgat gcagatgcag cccatgatgg cagcctatta tcccaacaat      60
gtcactactg atcatattca acagttcctg gatgagaaca aatcacttat tctgaagatt      120
gttgagagcc agaactctgg gaaaataagt gaatgtgcag agtcccaagc taaacttcag      180
agaaatctta tgtaccttgc agctattgct gattcacagc cccagcctcc tagtatgcat      240
tcacagttag cttctggtgg gatgatgcag ggagggggcac attatatgca gcaacaacaa      300
gctcaacaac tcacaacgca atcgottatg gctgcagcaa gatcctcctc ctcaatgctc      360
tatggacaac aacaacaaca acaacaacaa caactatcat cattgcaaca acagcaagca      420
gcctttcata gccagcaact cggaatgagc agctctggtg gaggaagcag tagtggactt      480
cacatgctac aaagcgaaaa cactcatagt gctagcactg gtggtgggtg gtttccctga      540
    
```

20

<210> 82  
 <211> 179  
 <212> PRT  
 <213> *Solanum tuberosum*

25

<400> 82

ES 2 558 133 T3

Met Gln Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr  
 1 5 10 15  
 Tyr Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Phe Leu Asp Glu  
 20 25 30  
 Asn Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys  
 35 40 45  
 Ile Ser Glu Cys Ala Glu Ser Gln Ala Lys Leu Gln Arg Asn Leu Met  
 50 55 60  
 Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Ser Met His  
 65 70 75 80  
 Ser Gln Leu Ala Ser Gly Gly Met Met Gln Gly Gly Ala His Tyr Met  
 85 90 95  
 Gln Gln Gln Gln Ala Gln Gln Leu Thr Thr Gln Ser Leu Met Ala Ala  
 100 105 110  
 Ala Arg Ser Ser Ser Ser Met Leu Tyr Gly Gln Gln Gln Gln Gln Gln  
 115 120 125  
 Gln Gln Gln Leu Ser Ser Leu Gln Gln Gln Gln Ala Ala Phe His Ser  
 130 135 140  
 Gln Gln Leu Gly Met Ser Ser Ser Gly Gly Gly Ser Ser Ser Gly Leu  
 145 150 155 160  
 His Met Leu Gln Ser Glu Asn Thr His Ser Ala Ser Thr Gly Gly Gly  
 165 170 175  
 Trp Phe Pro

<210> 83  
 <211> 684  
 <212> ADN  
 <213> *Zea mays*

5

<400> 83

atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagaacatga tgggggggcta cacctctcct 60  
 gccgcccgtga ccaccgatct catccagcag cacctggacg agaacaagca gctgatcctg 120  
 gccatcctcg acaaccagaa caatggcaag gcggaggagt gcgaacggca ccaagctaag 180  
 ctccagcaca acctcatgta cctggccgcc atcgctgaca gccagccgcc acagaccgcg 240  
 ccaactatcac agtaccgctc caacctgatg atgcagccgg gccctcggta catgccaccg 300  
 cagtcggggc agatgatgaa cccgcagtcg ctgatggcgg cgcgggtcctc catgatgtac 360  
 ggcaccccgt cctgtgcgcc actccagcag cagcagggcg cgcacggaca gctggggtatg 420  
 gctccagggg gccggcgggtg cggcaccgacc agcgggttca gcatcctcca cggcgaggcc 480  
 agcatgggcg gtgggtggtg tggcgcaggc gccggcaaca acatgatgaa cgcggcatg 540  
 ttctcgggct ttggccgcag cggcagtggc gccaaaggaag ggtcgacctc tctgtcgggt 600  
 gacgtccggg gtggaaccag ctccggcgcg cagagcgggg acggcgagta cctcaaagtc 660  
 ggcaccgagg aagaaggcag ttag 684

10

<210> 84  
 <211> 227  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

15

<400> 84

ES 2 558 133 T3

Met Gln Gln Gln His Leu Met Gln Met Asn Gln Asn Met Met Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Tyr Thr Ser Pro Ala Ala Val Thr Thr Asp Leu Ile Gln Gln His Leu  
 20 25 30  
 Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Asn  
 35 40 45  
 Gly Lys Ala Glu Glu Cys Glu Arg His Gln Ala Lys Leu Gln His Asn  
 50 55 60  
 Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Pro Gln Thr Ala  
 65 70 75 80  
 Pro Leu Ser Gln Tyr Pro Ser Asn Leu Met Met Gln Pro Gly Pro Arg  
 85 90 95  
 Tyr Met Pro Pro Gln Ser Gly Gln Met Met Asn Pro Gln Ser Leu Met  
 100 105 110  
 Ala Ala Arg Ser Ser Met Met Tyr Ala His Pro Ser Leu Ser Pro Leu  
 115 120 125  
 Gln Gln Gln Gln Ala Ala His Gly Gln Leu Gly Met Ala Pro Gly Gly  
 130 135 140  
 Gly Gly Gly Gly Thr Thr Ser Gly Phe Ser Ile Leu His Gly Glu Ala  
 145 150 155 160  
 Ser Met Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Asn Asn Met Met  
 165 170 175

Asn Ala Gly Met Phe Ser Gly Phe Gly Arg Ser Gly Ser Gly Ala Lys  
 180 185 190  
 Glu Gly Ser Thr Ser Leu Ser Val Asp Val Arg Gly Gly Thr Ser Ser  
 195 200 205  
 Gly Ala Gln Ser Gly Asp Gly Glu Tyr Leu Lys Val Gly Thr Glu Glu  
 210 215 220  
 Glu Gly Ser  
 225

<210> 85  
 <211> 549  
 <212> ADN  
 <213> *Zea mays*

5

<400> 85

atgcagcagc cgatgcacat gcagccacag gcgcccggoga taaccccagc tgccggaatc 60  
 agcacgggagc agatccaaaa gtatctggat gagaataaagc agcttatttt ggctattttg 120  
 gaaaatcaga acctaggaaa attggcagaa tgtgctcagt atcaatcaca acttcagaag 180  
 aacctcttgt atctcgctgc aatcgcagat gctcaaccgc agactgctgt aagccgcctt 240  
 cagatggcgc cgctgggtgg atcgctgga gtagggcagt acatgtcaca ggtgcctatg 300  
 ttcccaccga ggacacctct tacaccccag cagatgcagg agcagcagct tcagcagcag 360  
 caggctcagt tgctaaactt cagtggccaa atggttgcta gaccaggcat ggtcaacggc 420  
 atggctcagt ccatgcaagc tcagctacca ccgggtgtga acaagcagga tgctgggtgg 480  
 gtcgcctctg agccctcggg caccgagagc cacaggagca ctggtggtga cgatggtgga 540  
 agcgactag 549

10

<210> 86  
 <211> 182  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

15

<400> 86

ES 2 558 133 T3

Met Gln Gln Pro Met His Met Gln Pro Gln Ala Pro Ala Ile Thr Pro  
 1 5 10 15  
 Ala Ala Gly Ile Ser Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn  
 20 25 30  
 Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu  
 35 40 45  
 Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ser Gln Leu Gln Lys Asn Leu Leu Tyr  
 50 55 60  
 Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Thr Ala Val Ser Arg Pro  
 65 70 75 80  
 Gln Met Ala Pro Pro Gly Gly Ser Pro Gly Val Gly Gln Tyr Met Ser  
 85 90 95  
 Gln Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln Gln Met  
 100 105 110  
 Gln Glu Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln Leu Leu Asn Phe Ser  
 115 120 125  
 Gly Gln Met Val Ala Arg Pro Gly Met Val Asn Gly Met Ala Gln Ser  
 130 135 140  
 Met Gln Ala Gln Leu Pro Pro Gly Val Asn Lys Gln Asp Ala Gly Gly  
 145 150 155 160  
 Val Ala Ser Glu Pro Ser Gly Thr Glu Ser His Arg Ser Thr Gly Gly  
 165 170 175  
 Asp Asp Gly Gly Ser Asp  
 180

<210> 87  
 <211> 1173  
 <212> ADN  
 <213> *Homo sapiens*

5

<400> 87

atggggggca acatgtctgt ggctttcgcg gccccgaggc agcgaggcaa gggggagatc 60  
 actcccgcctg cgattcagaa gatggttgat gacaataacc atcttattca gtgtataatg 120  
 gactctcaga ataaaggaaa gacctcagag tgttctcagt atcagcagat gttgcacaca 180  
 aacttggat accttgctac aatagcagat tctaataaaa atatgcagtc tcttttacca 240  
 gcaccaccca cacagaatat gcctatgggt cctggagggg tgaatcagag cggccctccc 300  
 ccacctccac gctctcaaa catgccttca gatggaatgg taggtggggg tctctctgca 360  
 ccgcacatgc agaaccagat gaacggccag atgcctgggc ctaaccatat gcctatgcag 420  
 ggacctggac ccaatcaact caatatgaca aacagttcca tgaatatgcc ttcaagtagc 480  
 catggatcca tgggagggta caaccattct gtgccatcat cacagagcat gccagtacag 540  
 aatcagatga caatgagtca gggacaacca atgggaaact atggtcccag accaaatatg 600  
 agtatgcagc caaaccaagg tccaatgatg catcagcagc ctctcttctca gcaatacaat 660  
 atgccacagg gaggcggaca gcattaccaa ggacagcagc cacctatggg aatgatgggt 720  
 caagttaacc aaggcaatca tatgatgggt cagagacaga ttcctcccta tagacctct 780  
 caacagggcc caccacagca gtactcaggc caggaagact attacgggga ccaatacagt 840  
 catggtggac aaggctctcc agaaggcatg aaccagcaat attaccctga tggaaattca 900  
 cagtatggcc aacagcaaga tgcataccag ggaccacctc cacaacaggg atatccaccc 960  
 cagcagcagc agtaccagc gcagcaaggt taccaggac agcagcaggg ctacgggtct 1020  
 tcacaggggtg gtccaggtcc tcagtatcct aactaccac agggacaagg tcagcagtat 1080  
 ggaggatata gaccaacaca gcctggacca ccacagccac cccagcagag gccttatgga 1140  
 tatgaccagg gacagtatgg aaattaccag cag 1173

10

<210> 88  
 <211> 391  
 <212> PRT  
 <213> *Homo sapiens*

15

<400> 88

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

Gly Gly Gln His Tyr Gln Gly Gln Gln Pro Pro Met Gly Met Met Gly  
225 230 235 240  
Gln Val Asn Gln Gly Asn His Met Met Gly Gln Arg Gln Ile Pro Pro  
245 250 255  
Tyr Arg Pro Pro Gln Gln Gly Pro Pro Gln Gln Tyr Ser Gly Gln Glu  
260 265 270  
Asp Tyr Tyr Gly Asp Gln Tyr Ser His Gly Gly Gln Gly Pro Pro Glu  
275 280 285  
Gly Met Asn Gln Gln Tyr Tyr Pro Asp Gly Asn Ser Gln Tyr Gly Gln  
290 295 300  
Gln Gln Asp Ala Tyr Gln Gly Pro Pro Pro Gln Gln Gly Tyr Pro Pro  
305 310 315 320  
Gln Gln Gln Gln Tyr Pro Gly Gln Gln Gly Tyr Pro Gly Gln Gln Gln  
325 330 335  
Gly Tyr Gly Pro Ser Gln Gly Gly Pro Gly Pro Gln Tyr Pro Asn Tyr  
340 345 350  
Pro Gln Gly Gln Gly Gln Gln Tyr Gly Gly Tyr Arg Pro Thr Gln Pro  
355 360 365  
Gly Pro Pro Gln Pro Pro Gln Gln Arg Pro Tyr Gly Tyr Asp Gln Gly  
370 375 380  
Gln Tyr Gly Asn Tyr Gln Gln  
385 390

<210> 89  
<211> 627  
<212> ADN  
<213> *Allium cepa*

5

<400> 89

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc cgcagccagc gatgggaacc atgggctcgg tgccacctac tagcatcacc      60
accgaacaga ttcaaaggta cttggatgag aacaaacagt taatattggc aattttggat      120
aatcaaaatt taggaagact gaatgagtgt gctcaatata aagctcagct tcaaaagaat      180
ctgctttacc tggcagcaat agctgatgct cagcctcagt ctctgcggt gcgtctgcag      240
atgatgcctc aagggtgcagc tgccacgcct caagctggaa accaatttat gcagcagcag      300
agccctaatt tccctcccaa aacaggaatg caatttactc ctcaacaagt acaagaattg      360
cagcagcaac agctacaaca tcagccacat atgatgcctc catttcaagg tcaaatgggt      420
atgagacctt tgaatggaat gcaggcagca atgcatgcag attcatctct tgcttataac      480
actaacaata agcaagatgc aggaaacgca gcttatgaaa atactgctgc caacacagat      540
ggttccattc aaaagaaaac agcaaatgat gatttagacc cttctgcagc aaaccctaga      600
aggtctgaag atgccaaatc atcatga                                     627

```

<210> 90  
 <211> 208  
 <212> PRT  
 <213> *Allium cepa*  
  
 <400> 90

5

```

Met Gln Gln Pro Gln Pro Ala Met Gly Thr Met Gly Ser Val Pro Pro
1          5          10          15
Thr Ser Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Arg Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20          25          30
Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Arg Leu Asn
35          40          45
Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Leu Tyr Leu
50          55          60
Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ser Pro Ala Val Arg Leu Gln
65          70          75          80
Met Met Pro Gln Gly Ala Ala Ala Thr Pro Gln Ala Gly Asn Gln Phe
85          90          95

Met Gln Gln Gln Ser Pro Asn Phe Pro Pro Lys Thr Gly Met Gln Phe
100          105          110
Thr Pro Gln Gln Val Gln Glu Leu Gln Gln Gln Gln Leu Gln His Gln
115          120          125
Pro His Met Met Pro Pro Phe Gln Gly Gln Met Gly Met Arg Pro Met
130          135          140
Asn Gly Met Gln Ala Ala Met His Ala Asp Ser Ser Leu Ala Tyr Asn
145          150          155          160
Thr Asn Asn Lys Gln Asp Ala Gly Asn Ala Ala Tyr Glu Asn Thr Ala
165          170          175
Ala Asn Thr Asp Gly Ser Ile Gln Lys Lys Thr Ala Asn Asp Asp Leu
180          185          190
Asp Pro Ser Ala Ala Asn Pro Arg Arg Ser Glu Asp Ala Lys Ser Ser
195          200          205

```

10

<210> 91  
 <211> 633  
 <212> ADN  
 <213> *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*  
  
 <400> 91

15

ES 2 558 133 T3

```

atgcaacaca tgcagatgca gcccatgatg ccaccttata gtgccaacag cgtcactact      60
gatcatatcc aacagtactt ggatgaaaat aaggcgttga ttctgaagat acttgagaac      120
caaaattcgg gaaaagttag tgaatgtgca gagaaccaag caagacttca acgaaatctt      180
atgtatctgg ctgcaattgc tgattctcaa ccacagcctc ccaatatgca tgctcagtac      240
tctaattcgg gtataccacc tgggtgcacat tacctacaac accaacaggc ccaacagatg      300
acacaacagt cgctcatggc tgctcgatca aatatgctgt atgctcagcc aatcacagga      360
atgcagcaac agcaagcaat gcatagccag cttggcatga gctctggtgg taacagtgga      420
ctccacatga tgcacaatga gggcagcatg ggaggtagtg gggcacttgg aagctattct      480
gattatggcc gtggcagtgg tgggtggagta actatcgcta gcaaacaaga tggtggaagt      540
ggttctggtg aaggacgagg tggaaactct ggaggccaaa gtgcagatgg aggtgaatct      600
ctttacctga aaaacagtga cgaagggaac taa                                     633

```

<210> 92  
 <211> 210  
 <212> PRT  
 <213> *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

5

<400> 92

```

Met Gln His Met Gln Met Gln Pro Met Met Pro Pro Tyr Ser Ala Asn
1          5          10
Ser Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Ala
          20          25          30
Leu Ile Leu Lys Ile Leu Glu Asn Gln Asn Ser Gly Lys Val Ser Glu
          35          40          45
Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr Leu Ala
          50          55          60
Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Asn Met His Ala Gln Tyr
65          70          75          80
Ser Asn Ala Gly Ile Pro Pro Gly Ala His Tyr Leu Gln His Gln Gln
          85          90          95
Ala Gln Gln Met Thr Gln Gln Ser Leu Met Ala Ala Arg Ser Asn Met
          100          105          110
Leu Tyr Ala Gln Pro Ile Thr Gly Met Gln Gln Gln Gln Ala Met His
          115          120          125
Ser Gln Leu Gly Met Ser Ser Gly Gly Asn Ser Gly Leu His Met Met
          130          135          140
His Asn Glu Gly Ser Met Gly Gly Ser Gly Ala Leu Gly Ser Tyr Ser
145          150          155          160

Asp Tyr Gly Arg Gly Ser Gly Gly Gly Val Thr Ile Ala Ser Lys Gln
          165          170          175
Asp Gly Gly Ser Gly Ser Gly Glu Gly Arg Gly Gly Asn Ser Gly Gly
          180          185          190
Gln Ser Ala Asp Gly Gly Glu Ser Leu Tyr Leu Lys Asn Ser Asp Glu
          195          200          205
Gly Asn
210

```

10

<210> 93  
 <211> 615  
 <212> ADN  
 <213> *Brachypodium distachyon*

15

<400> 93

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagg cgatgtccat gtccccgggg tcggccggcg cggtgccgcc tccggccggc      60
atcaccacag agcagatcca aaagtatttg gatgaaaata agcaacttat tttggccatc      120
ctggaaaatc agaacctagg aaagttgact gaatgtgctc agtatcaagc tcaacttcag      180
aagaatctct tgtatctggc tgccattgcg gatgcccaac caccacagaa ecctggaagt      240
cgcccccaga tgggtgcagc tgggtggtatg ccaggtgcag ggcattacat gtcgcaagta      300
ccaatgttcc ctccaagaac cctttaacc ccacaacaga tgcaagagca acagcaccag      360
cagcttcagc agcagcaagc acaggetctt gctttcccca gccagatggt catgagacca      420
ggtactgtga acggcatgca gcctatgcaa gctgatctcc aagcagcagc agcagcacct      480
ggcctggcag acagccgagg aagtaagcag gacgcagcgg tagctggggc catctcggaa      540
ccttctggca ccgagagtca caagagtaca ggagcggatc atgaggcagg tggcgatgta      600
gctgagcaat cctaa

```

<210> 94  
 <211> 204  
 <212> PRT  
 <213> *Brachypodium distachyon*

5

<400> 94

```

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

```

10

<210> 95  
 <211> 636  
 <212> ADN  
 <213> *Brassica napus*

15

<400> 95



ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agcagcagca gcagcagcag cctccgcaaa tgtttccgat ggctccttcg      60
atgccgcaa ctaacatcac caccgaacag atccaaaagt accttgagga gaacaagaag      120
ctgataatgg caatcatgga aatcagaat cttggcaagc ttgcagagtg tgcacagtac      180
caagctcttc tccagaagaa cttaatgtac ctgctgcta ttgctgatgc tcaacctctc      240
ccatctaccg ctggagctac accaccacca gctatggctt cccagatggg ggcaccgcat      300
cctgggatgc aaccgcccag ctactttatg caacacccac aagcttcagg gatggctcaa      360
caagcaccac ccgctggtat cttccctccg agaggtectt tgcagtttgg tagccacac      420
cagcttcagg atccgcaaca gcagcatatg catcaacagg ctatgcaagg acacatgggg      480
atgcgaccaa tgggtatcaa caacaacaat gggatgcagc atcagatgca gcaacaacaa      540
ccagaaacct ctcttgaggg aagcgtgca aacgtggggc ttagaggtgg aaagcaagat      600
ggagcagatg gacaaggaaa agatgatggc aatga                                     636

```

<210> 96  
 <211> 203  
 <212> PRT  
 <213> *Brassica napus*

5

<400> 96

```

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

```

10

<210> 97  
 <211> 636  
 <212> ADN  
 <213> *Citrus sinensis*

15

<400> 97

```

atgcagcagc caccgcaaat gatccctggt atgccttcat ttccaccac caacatcacc      60

```

ES 2 558 133 T3

```

acagagcaga ttcaaaagta ccttgatgag aacaaaaagt tgattttggc aattttggac 120
aatcaaaatc ttggaaagct tacagaatgt gccactatc aagctcagct tcaaaagaat 180
ttaatgtatt tagctgcaat tgctgatgca caaccacaag caccaacaat gctcctcag 240
atggctccac atcctgcaat gcaagctagt ggggtattaca tgcaacatcc tcaggcggca 300
gcaatggctc agcaacaagg aatctttccc caaaagatgc cattacaatt caataaccct 360
catcaactac aggatcctca acagcagcta caccaacatc aagccatgca agcacaatg 420
ggaatgagac cgggtgccac taacaatggt atgcatccca tgcgatgctga aagctctctt 480
ggaggtggca gcagtggagg acccccttca gcatcaggcc caggtgacat acgtgggtgga 540
aataagcaag atgcctcgga ggctgggact actggtgctg atggccaggg cagttcgget 600
ggtgggcatg gtgggggatg agaggaggca aagtga 636

```

<210> 98  
 <211> 211  
 <212> PRT  
 <213> *Citrus sinensis*

5

<400> 98

```

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

```

10

<210> 99  
 <211> 597  
 <212> ADN  
 <213> *Euphorbia esula*

15

<400> 99

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc aaccgcagat gatgcctatg atgccttcat atccaccagc aaacattacc      60
acggagcaaa tccaaaagta tcttgatgaa aataaaaaat tgattttggc gatcttggat      120
aatcaaaatc ttggaaaact cgctgagtggt gcacagtatc aagccctgct gcaaaaaaat      180
ctgatgtatt tagccgcaat tgctgatgca caaccccaga cccaccat gccacctcag      240
atgtcccccac atccggctat gcaacaagga gcatattaca tgcaacatcc tcaggctgca      300
gcagcagcaa tggctcatca gtccgggtatt ttcccaccaa agatgtctcc gttacaattc      360
aataatcctc atcaaatata ggacccccag cagttacatc aagcagccct ccaagggcaa      420

atgggaatga ggcccatggg gcccaataac gggatgcac c gatgcaccc cgaggcaaat      480
cttggaggat ctaatgatgg tcgtggagga aacaaacagg atgctccgga gacgggagca      540
tcgggaggtg atgggcaagg caattctggt ggtgatgggg ctgaagatgg gaaatga      597

```

<210> 100  
 <211> 198  
 <212> PRT  
 <213> *Euphorbia esula*

5

<400> 100

```

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

```

10

<210> 101  
 <211> 642  
 <212> ADN  
 <213> *Glycine max*

15

<400> 101

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcaga caccgccaat gattcctatg atgcctttctt tcccacctac gaacataacc      60
accgagcaga ttcaaaaata ccttgatgag aacaagaagc tgattctggc aatattggac      120
aatcaaaatc ttggaaaact tgcagaatgt gcccagttacc aagctcagct tcaaaagaat      180
ttgatgtatt tagctgcaat tgctgatgcc cagcctcaaa ccccgccat gcctccgcag      240
atggcaccgc accctgccat gcaaccagga ttctatatgc aacatcctca ggctgctgca      300
gcagcaatgg ctcagcagca gcaaggaatg ttccccccaga aaatgccatt gcaatttggc      360
aatccacatc aaatgcagga acaacaacag cagctacacc agcaggccat ccaaggtcaa      420
atgggactta gacctggaga tataaataat ggcattgcac caatgcacag tgaggctgct      480
cttggagggtg gaaacagcgg tggtcacact tcggctactg gtccaaacga tgcacgtggt      540
ggaagcaagc aagatgcctc tgaggctgga acagctgggt gagacggcca aggcagctcc      600
gcggtgctc  ataacagtgg agatggtgaa gaggcaaagt ga                          642

```

<210> 102  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5

<400> 102

```

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

```

10

<210> 103  
 <211> 633  
 <212> ADN  
 <213> *Glycine soya*

15

<400> 103

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcaga caccgcctat gattcctatg atgccttcgt tcccacctac gaacataacc      60
accgagcaga ttcaaaaata ctttgatgag aacaagaagc tgattctggc aatattggac      120
aatcaaaatc ttggaaaact tgcagaatgt gccagctacc aagctcagct tcaaaagaat      180
ttgatgtatt tagctgcaat tgetgatgcc cagcctcaaa caccagccat gcctccacag      240
atggcaccac accctgccat gcaaccagga ttctatatgc aacatcctca ggctgcagca      300
gcagcaatgg ctcagcagca gcagcaagga atgttcccc agaaaatgcc attgcaattt      360
ggcaatccac atcaaatgca ggaacaacag cagcagctac accagcaagc catccaaggt      420
caaatgggac tgagacctgg aggaataaat aatggcatgc atccaatgca caatgagggc      480
ggcaacagcg gtggctccacc ctcggctacc ggtccgaacg acgcacgtgg tggaagcaag      540
caagatgctt ctgaggctgg aacagctggg ggagatggcc aaggcagctc tgcagctgct      600
cataacagtg gagatggtga agaggcaaaq tga                                     633

```

<210> 104  
 <211> 210  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine soya*

5

<400> 104

```

Met Gln Gln Thr Pro Pro Met Ile Pro Met Met Pro Ser Phe Pro Pro
1          5          10          15
Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
          20          25          30

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

```

10

<210> 105  
 <211> 690  
 <212> ADN  
 <213> *Gossypium hirsutum*

15

<400> 105

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttattatcc caacaacgtc      60
actactgatc atattcaaca gtatctcgat gagaacaagt cattgatctt aaagattggt      120
gagagccaga attctgggaa attgagtgaa tgtgctgaga accaagcaag gctgcagcga      180
aacctcatgt acctggctgc cattgeggat tctcaacccc aaccacccac cgtgcatgca      240
cagtttccat ctggtggtat catgcagcca ggagctgggc actacatgca gcaccaacaa      300
gctcaacaaa tgacacaaca gtcgcttatg gctgctcggt cctcaatggt gtattctcag      360
caaccatfff ctgcaactgca acaacaacag cagcaagctt tgcacagtca gcttggcatg      420
agctctggcg gaagcacagg ccttcatatg ctgcaaaactg aatctagtac tgcaggtggc      480
agtggagcac ttggggccgg agggtttcct gattttggac gtggttcttc tggagaaggc      540
atccatgggtg gcaggccaat ggcaggtgga agcaagcaag atatcgggag tgccggctca      600
gctgaagggtc gtggaggaag ctctggtggt caggggtggtg gtgatggggg tgaaacctt      660
tacttaaaag cagccgatga tgggaactga                                     690

```

<210> 106  
 <211> 229  
 <212> PRT  
 <213> *Gossypium hirsutum*

5

<400> 106

```

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr
1          5          10
Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
          20          25          30
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
          35          40          45
Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
          50          55          60
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Thr Val His Ala

          65          70          75          80
Gln Phe Pro Ser Gly Gly Ile Met Gln Pro Gly Ala Gly His Tyr Met
          85          90          95
Gln His Gln Gln Ala Gln Gln Met Thr Gln Gln Ser Leu Met Ala Ala
          100          105          110
Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ser Gln Gln Pro Phe Ser Ala Leu Gln Gln
          115          120          125
Gln Gln Gln Gln Ala Leu His Ser Gln Leu Gly Met Ser Ser Gly Gly
          130          135          140
Ser Thr Gly Leu His Met Leu Gln Thr Glu Ser Ser Thr Ala Gly Gly
          145          150          155          160
Ser Gly Ala Leu Gly Ala Gly Gly Phe Pro Asp Phe Gly Arg Gly Ser
          165          170          175
Ser Gly Glu Gly Ile His Gly Gly Arg Pro Met Ala Gly Gly Ser Lys
          180          185          190
Gln Asp Ile Gly Ser Ala Gly Ser Ala Glu Gly Arg Gly Gly Ser Ser
          195          200          205
Gly Gly Gln Gly Gly Gly Asp Gly Gly Glu Thr Leu Tyr Leu Lys Ala
          210          215          220
Ala Asp Asp Gly Asn
          225

```

10

<210> 107  
 <211> 642  
 <212> ADN  
 <213> *Gossypium hirsutum*

15

<400> 107

ES 2 558 133 T3

```

atgccgcagc caccgcaaat gattcctgtg atgccttcat atccacctac taatatcact      60
actgaacaga ttcagaagta ccttgatgag aataagaagt tgattttggc aattttggac      120
aatcagaatc ttggaaaact cgctgaatgc gccagtatc aagctcagct gcaaaagaat      180
ttgatgtatt tagctgcaat tgcggatgct caacctcaat caacgccagc aatgtcgcct      240
cagatggcac cgcattccagc aatgcaaccc ggaggatatt ttatgcaaca tcctcaagct      300
gctgcaatgt cacagcaacc tggcatgtac cctcaaaagg tgccattgca attcaatagt      360
ccgcatcaaa tgcaggaccc tcagcacctc ctatatcagc agcatcaaca agcaatgcaa      420
ggtcaaatgg gaatcaggcc tgggggaccc aataatagca tgcattccat gcattcagag      480
gctagccttg gagggggcag cagtgggtgt cccctcaac cttcaggccc aagtgatgga      540
cgtgctggaa acaagcaaga gggctccgaa gctgggtggt atgggcaggg cagcacaact      600
ggtgggcatg gtggcgggtga tggagcggat gaggcaaagt ga                          642
    
```

<210> 108  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> *Gossypium hirsutum*

5

<400> 108

```

Met Pro Gln Pro Pro Gln Met Ile Pro Val Met Pro Ser Tyr Pro Pro
1          5          10          15
Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20          25          30
Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35          40          45
Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50          55          60
Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ser Thr Pro Ala Met Ser Pro
65          70          75          80
Gln Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Pro Gly Gly Tyr Phe Met Gln
85          90          95
His Pro Gln Ala Ala Ala Met Ser Gln Gln Pro Gly Met Tyr Pro Gln

          100          105          110
Lys Val Pro Leu Gln Phe Asn Ser Pro His Gln Met Gln Asp Pro Gln
115          120          125
His Leu Leu Tyr Gln Gln His Gln Gln Ala Met Gln Gly Gln Met Gly
130          135          140
Ile Arg Pro Gly Gly Pro Asn Asn Ser Met His Pro Met His Ser Glu
145          150          155          160
Ala Ser Leu Gly Gly Ser Ser Gly Gly Pro Pro Gln Pro Ser Gly
165          170          175
Pro Ser Asp Gly Arg Ala Gly Asn Lys Gln Glu Gly Ser Glu Ala Gly
180          185          190
Gly Asn Gly Gln Gly Ser Thr Thr Gly Gly His Gly Gly Gly Asp Gly
195          200          205
Ala Asp Glu Ala Lys
210
    
```

10

<210> 109  
 <211> 561  
 <212> ADN  
 <213> *Hordeum vulgare*

15

<400> 109

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcaag cgatgccat gccgccggcg gcggcggcgc ctgggatgcc tccttctgcc      60
ggcctcagca ccgagcagat ccaaaagtac ctggatgaaa ataaacaact aattttggct      120
atcttgaaa atcagaacct gggaaagtgt gcggaatgtg ctcagtatca agctcagctt      180
cagaagaatc ttttgtatth ggctgcgatt gctgatactc agccacagac ctctgtaagc      240
cgtcctcaga tggcaccacc tgctgcatcc ccaggggcag ggcattacat gtcacagggtg      300
ccaatgttcc ctccgaggac cctcctaacg cctcagcaga tgcaggagca gcaactacag      360
caacaacagg ctcagatgct tccgtttgct ggtcaaattg ttgcgagacc cggggctgtc      420
aatggcattc cccaggcccc tcaagttgaa caaccagcct atgcagcagg tggggccagt      480
tccgagcctt ctggcaccga gagccacagg agcactggcg ccgataacga tgggtgggagc      540
ggcttggtg accagtctta a                                     561

```

<210> 110  
 <211> 186  
 <212> PRT  
 <213> *Hordeum vulgare*

5

<400> 110

```

Met Gln Gln Ala Met Pro Met Pro Pro Ala Ala Ala Ala Pro Gly Met
1      5      10      15
Pro Pro Ser Ala Gly Leu Ser Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp
20      25      30
Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly
35      40      45
Lys Leu Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu
50      55      60
Leu Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Thr Gln Pro Gln Thr Ser Val Ser
65      70      75      80
Arg Pro Gln Met Ala Pro Pro Ala Ala Ser Pro Gly Ala Gly His Tyr
85      90      95
Met Ser Gln Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln
100      105      110
Gln Met Gln Glu Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln Met Leu Pro
115      120      125
Phe Ala Gly Gln Met Val Ala Arg Pro Gly Ala Val Asn Gly Ile Pro
130      135      140
Gln Ala Pro Gln Val Glu Gln Pro Ala Tyr Ala Ala Gly Gly Ala Ser
145      150      155      160

Ser Glu Pro Ser Gly Thr Glu Ser His Arg Ser Thr Gly Ala Asp Asn
165      170      175
Asp Gly Gly Ser Gly Leu Ala Asp Gln Ser
180      185

```

10

<210> 111  
 <211> 555  
 <212> ADN  
 <213> *Lactuca serriola*

15

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (253)..(253)  
 <223> n e s a , c , g o t

20

<400> 111



ES 2 558 133 T3

```

atgaagcagc cgatgatgcc gaatccaatg atgttctctt cgtttcctcc tacaaacatc      60
accaccgatc agatccaaaa gttccttgat gaaaacaagc aactaattat agcaataatg     120
agcaacctaa atcttggaag gcttgctgaa tgtgccagct accaagctct actccaaaaa     180
aatttgatgt atctagcagc cattgcagat gctcaaccac ctacacctac accaacacta     240
aatatctctt atnagatggg cccgggtcca catccagggg tgccacagca aggtggattt     300
tacatggcgc agcagcacc tcaggcggtc gtaatgacgg ctcagccacc ttctggtttt     360
ccacaacega tgcttggtat gcaatttaac agcccacagg ctattcaagg gcagatgggc     420
gggaggtccg gtgggcccgc aagctcagcc gctagtgatg tctggagagg aagcatgcaa     480
gatggtggtg gtggtgctgc tgctgatggt ggtaaggatg gtcatgctgg cgggtggacct     540
gaggaagcaa agtaa
    
```

5 <210> 112  
 <211> 184  
 <212> PRT  
 <213> *Lactuca serriola*

10 <220>  
 <221> INCIERTO  
 <222> (85)..(85)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 112

```

Met Lys Gln Pro Met Met Pro Asn Pro Met Met Ser Ser Ser Phe Pro
1      5      10
Pro Thr Asn Ile Thr Thr Asp Gln Ile Gln Lys Phe Leu Asp Glu Asn
      20      25      30
Lys Gln Leu Ile Ile Ala Ile Met Ser Asn Leu Asn Leu Gly Lys Leu
      35      40      45
Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Leu Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr
      50      55      60
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Pro Thr Pro Thr Pro Thr Leu
65      70      75      80
Asn Ile Ser Tyr Xaa Met Gly Pro Val Pro His Pro Gly Met Pro Gln
      85      90      95
Gln Gly Gly Phe Tyr Met Ala Gln Gln His Pro Gln Ala Ala Val Met
      100     105     110
Thr Ala Gln Pro Pro Ser Gly Phe Pro Gln Pro Met Pro Gly Met Gln
      115     120     125
Phe Asn Ser Pro Gln Ala Ile Gln Gly Gln Met Gly Gly Arg Ser Gly
      130     135     140
Gly Pro Pro Ser Ser Ala Ala Ser Asp Val Trp Arg Gly Ser Met Gln
145     150     155     160
Asp Gly Gly Gly Gly Ala Ala Ala Asp Gly Gly Lys Asp Gly His Ala
    
```

15 Gly Gly Gly Pro Glu Glu Ala Lys  
 165 170 175  
 180

20 <210> 113  
 <211> 627  
 <212> ADN  
 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 113

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttactatcc aacgaacgtc      60
actactgacc atattcaaca gtatttggat gaaaacaaat cactcattct gaagattggt      120
gagagccaga actctgggaa actcagtgaa tgtgcggaga accaagctag gcttcagagg      180
aatctgatgt accttgctgc gattgctgat tcacaacctc aaccttctag catgcattct      240
cagttctctt ctgggtgggat gatgcagcca gggacacaca gttacttgca gcagcagcag      300
cagcaacaac aagcgcaaca aatggcaaca caacaactca tggctgcaag atcctcgtcg      360
atgctctatg gacaacagca gcagcaatct cagttatcgc aatatcaaca aggcttgcat      420
agtagccaac tcggcatgag ttctggcagt ggcggaagca ctggacttca tcacatgctt      480
caaagtgaat catcacctca tgggtggtgt ttctctcatg acttcggccg cgcaaataag      540
caagacattg ggagtagtat gtctgctgaa gggcgcgggc gaagttcagg tggtgagaat      600
ctttatctga aagcttctga ggattga

```

<210> 114  
 <211> 208  
 <212> PRT  
 <213> *Lycopersicon esculentum*

5

<400> 114

```

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

```

10

<210> 115  
 <211> 624  
 <212> ADN  
 <213> *Malus domestica*

15

<400> 115

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc caccacaaat gatccccgtc atgcccctcat ttccctcccac caacatcacc      60
accgaacaaa ttcagaagta ccttgatgac aacaaaaagt tgattctggc aatattggat      120
aatcaaaatc ttggaaaact tgctgagtgt gctcagtagc aggctctgct tcaaaagaat      180
ctgatgtatt tagcagcaat tgccgatgcg caaccacagg caccagctgc ccctcccag      240
atggccccac atcctgctat gcaacaggca ggatattaca tgcaacatcc tcaggcagca      300
gcaatggctc agcaacaggg tattttctcc ccaaagatgc cgatgcaatt caataacatg      360
catcaaatgc acgatccaca gcagcaccaa caagccatgc aagggcaaat gggaatgaga      420
cctggagggc ctaacggcat gccttccatg cttcatactg aggccacaca tgggtggggg      480
agtggcggcc caaattcagc tggagacca aatgatgggc gtggaggaag caagcaagac      540
gcctctgagt ctggggcagg tggatgatggc caggggacct cagccggcgg gcgtggaact      600
ggtgatggag aggacggcaa gtga                                          624

```

5 <210> 116  
 <211> 207  
 <212> PRT  
 <213> *Malus domestica*

<400> 116

```

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

```

15 <210> 117  
 <211> 639  
 <212> ADN  
 <213> *Medicago trunculata*

<400> 117

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcaga cacctcaaat gattcctatg atgccttcat tcccacaaca aacaaacata      60
accactgagc agattcaaaa atatcttgat gagaacaaga agctgacccct ggcaatattg      120
gacaatcaaa atcttggaaa acttgcagaa tgtgccagc accaagctca gcttcagaag      180
aatttgatgt atttagctgc aattgctgac gcgcagccac aaacaccggc cttgcctcca      240
cagatggccc cgcaccctgc gatgcaacaa ggattctata tgcaacatcc tcaggctgca      300
gcaatggctc agcaacaagg aatgttcccc caaaaaatgc caatgcagtt cggtaatccg      360

catcaaatgc aggatcagca gcatcagcag caacaacagc agctacatca gcaagctatg      420
caaggtcaaa tgggacttag acctggaggg ataaataacg gcatgcatcc aatgcacaac      480
gaggctgctc tcggaggtag cggcagtggt ggtcaaatga cgggcgtggt ggtggagcaa      540
gcaagatgct tcggagctgg gacagccggc ggtgatggtc aaggaacctc tgccgcagct      600
gcgcacaaca gtggagatgc ttcagaagaa ggaaagtaa                               639

```

<210> 118  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> *Medicago trunculata*

5

<400> 118

```

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

```

10

<210> 119  
 <211> 624  
 <212> ADN  
 <213> *Panicum virgatum*

15

<400> 119

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agatgcccat gcagtcggcg cccccggcga cgggcatcac caccgagcag      60
atccaaaagt atttggatga aaataagcag cttatTTTgg ccattcctgga aaatcagaac      120
ttaggaaaagt tggctgaatg tgctcagtat caagctcagc ttcaaaaagaa tctcttgtac      180
ctggctgcga ttgcagatgc ccaaccccaa ccaccacaga accctgcaag tcgcccacag      240
atgatgcaac ctggcatggt accaggtgca gggcattaca tgtcccaagt accaatgttc      300
ccgccaagaa caccattaac cccgcaacag atgcaagaac agcagcagca gcagcagcag      360
cttcaacagc agcaagcaca ggctcttggc ttccccgggac agatgggtcat gagacctacc      420
attaatggca tgcagcctat gcaagccgac cctgctgccc ccgccgccag cctacagcag      480
tcagcacctg gccctactga tgggcgagga ggcaagcaag atgcaactgc tggggtgagc      540
acagagcctt ctggcaccga gagccacaag agcacaaccg cagcagatca cgatgtgggc      600
actgatgtcg cggagaaatc ctaa

```

<210> 120  
 <211> 207  
 <212> PRT  
 <213> *Panicum virgatum*

5

<400> 120

```

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

```

10

<210> 121  
 <211> 747  
 <212> ADN  
 <213> *Picea sitchensis*

15

<400> 121

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc atctcatgca aatgcagccc atgatggcgg catacgcctc caacaacatc      60
accactgatc acatccagaa gtacctggat gagaacaagc agttgattct ggcaattctg      120
gacaaccaa atcttgaaa gctcaatgag tgtgctcagt accaagcaaa acttcagcag      180
aatttgatgt atctggctgc gattgctgat tctcaaccac aagcacaac tgcacatgct      240
cagattcctc ctaatgcagt gatgcagtct ggtgggcatt acatgcagca ccagcaggca      300
cagcaacaag tgactcctca gtctctgatg gcagctagat cttccatgct gtattctcag      360
cagccgatgg ctgctttgca tcaagctcag caacaacagc agcagcagca tcagcagcaa      420
caacaatctc ttcacagcca gcttggcata aattctggag gaagcagtgg attgcatatg      480
ttgcatggtg agacaaacat gggatgtaat gggcctctct catctggggg cttccctgaa      540
tttgggcgtg ggtctgctac ctctgctgaa ggtatgcagg ccaacagggg cttcactata      600
gatcgtgggt caataagca ggatggagta ggatcagaga atgcccatcc aggtgctgggt      660
gatggaagag ggagttcaac tggagggcag aatgcagatg agtcagaacc atcatacctg      720
aaagcctccg aagaagaagg aaactag                                     747

```

5  
<210> 122  
<211> 248  
<212> PRT  
<213> *Picea sitchensis*

<400> 122

```

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

```

10  
15  
<210> 123  
<211> 735  
<212> ADN  
<213> *Pinus taeda*

<400> 123

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctcatgca aatgcagccc atgatggcgg cctacgcctc caacaatatc      60
accactgatc acatccagaa gtacctggat gagaacaagc agttgattct ggcaattttg      120
gacaacccaaa atctcggaaa gctcaatgag tgtgctcaat accaagcaaa acttcagcag      180
aatttgatgt atctggctgc tattgctgat tctcaacctc aagcacaaaac tgcacatgct      240
cagattcctc caaatgcggg gatgcagtct ggtgggcatt acatgcagca tcaacaggca      300
cagcaacaag ttactoctca gtctctgatg gcagctagat cttccatact gtatgctcag      360
caacaacagc agcagcagca tcagcagcat cagcagcaac agcagcaaca acagtctctt      420
cacagccagc ttggcataaa ttctggagga agcagcgggt tgcataatggt gcatgggtgag      480
acaaacatgg gatgtaatgg gcctctgtca tctgggggat tccctgaatt tgggctgagg      540
tctgctacct ctgctgatgg tatgcagggt aacaggggct ttgctataga tcgctggtca      600
aacaagcagc atggagttgg atcagagaat gcccatgctg gtgctggtga tgggaagagg      660
agttcaactg gagggcagaa tgcagatgag tcagaacccat catacctgaa ggccctccgag      720
gaagaaggaa actag                                     735

```

<210> 124  
 <211> 244  
 <212> PRT  
 <213> *Pinus taeda*

5

<400> 124

```

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

```

10

<210> 125  
 <211> 663  
 <212> ADN  
 <213> *Populus tremula*

15

<400> 125

ES 2 558 133 T3

```

atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cctattaccc cagcaacgtc      60
actactgatc atattcaaca gtatctggac gaaaacaagt cattgatttt gaagattggt      120
gagagccaga attcagggaa actcagtgag tgtgcagaga accaagcaag actgcaacaa      180
aatctcatgt acttggctgc aattgctgat tgtcagcccc aaccacctac catgcatgcc      240
cagttccctt ccagcggcat tatgcagcca ggagcacatt acatgcagca tcaacaagct      300
caacagatga caccacaagc ccttatggct gcacgctcct ctatgctgca gtatgctcaa      360
cagccattct cagcgcttca acaacagcaa gccttacaca gccagctcgg catgagctct      420
ggtggaagcg caggacttca tatgatgcaa agcgaggcta aactgacagg aggcagtgga      480
gctcttggtg ctggacgatt tcttgatttt ggcattggatg cctccagtag aggaatcgca      540
agtgggagca agcaagatat tcggagtgca gggcttagtg aagggcgagg aggaagctct      600
ggaggccagg gtggtgatgg aggtgaaacc ctttacttga aatctgctga tgatgggaac      660
tga

```

<210> 126  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> *Populus tremula*  
  
 <400> 126

5

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr

```

      1              5              10              15
Pro Ser Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
      20
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
      35
Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr
      50
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Cys Gln Pro Gln Pro Pro Thr Met His Ala
      65
Gln Phe Pro Ser Ser Gly Ile Met Gln Pro Gly Ala His Tyr Met Gln
      85
His Gln Gln Ala Gln Gln Met Thr Pro Gln Ala Leu Met Ala Ala Arg
      100
Ser Ser Met Leu Gln Tyr Ala Gln Gln Pro Phe Ser Ala Leu Gln Gln
      115
Gln Gln Ala Leu His Ser Gln Leu Gly Met Ser Ser Gly Gly Ser Ala
      130
Gly Leu His Met Met Gln Ser Glu Ala Asn Thr Ala Gly Gly Ser Gly
      145
Ala Leu Gly Ala Gly Arg Phe Pro Asp Phe Gly Met Asp Ala Ser Ser
      165
Arg Gly Ile Ala Ser Gly Ser Lys Gln Asp Ile Arg Ser Ala Gly Ser
      180
Ser Glu Gly Arg Gly Gly Ser Ser Gly Gly Gln Gly Gly Asp Gly Gly
      195
Glu Thr Leu Tyr Leu Lys Ser Ala Asp Asp Gly Asn
      210

```

10

<210> 127  
 <211> 678  
 <212> ADN  
 <213> *Saccharum officinarum*  
  
 <400> 127

15



ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagaacatga ttgggggcta cacctctcct      60
gcegctgtga caaccgatct catccagcag tacctggatg agaacaagca gctgatcctg     120
gccatcctcg acaaccagaa caatggcaag gtggaggagt gcgaacggca ccaagctaag     180
ctccagcaca acctcatgta cctggccgcc atcgccgaca gccagccacc acagactgca     240
cactatcac aataccgctc caacctgatg atgcagccgg gccctcggta catgccaccg     300
cagtcggggc agatgatgag cccgcagtcg ctaatggcgg cgcggtcctc catgatgtac     360
gcgaccccg ccatgtcacc actccagcag cagcaggcag cgcacgggca gctgggcatg     420
gcttcagggg gcggcggtgg cagcaccagt gggttcaaca tcttccatgg cgaggccagt     480
atgggcggtg ctggtggcgc ttgtgcggc aacaacatga tgaacgccgg catgttctca     540
ggctttggcc gcagcggcag tggcgccaag gagggatcga cctcgtgtgc ggttgacgtc     600
cgtggtggca ccagctccgg cgcgcaaagc ggggacggcg agtacctgaa agcaggcacc     660
gaggaagaag gcagttaa

```

<210> 128  
 <211> 225  
 <212> PRT  
 <213> *Saccharum officinarum*

5

<400> 128

```

Met Gln Gln Gln His Leu Met Gln Met Asn Gln Asn Met Ile Gly Gly
1          5          10          15
Tyr Thr Ser Pro Ala Ala Val Thr Thr Asp Leu Ile Gln Gln Tyr Leu
20          25          30
Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Asn
35          40          45

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

```

10

<210> 129  
 <211> 561  
 <212> ADN  
 <213> *Saccharum officinarum*

15

<400> 129

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc cgatgcccat gcagccgcag gcgcccggaga tgacccccggc cgccggaatc      60
accacggagc agatccaaaa gtatctggat gagaataagc agcttatttt ggctattttg      120
gaaaatcaga acctaggaaa attggcagaa tgtgctcagt atcaatcaca acttcagaag      180
aacctcttgt atctcgctgc aatcgcagat gcccaaccac agactgctgt aagccgccct      240
cagatggcgc cgccctggtgc attgcctgga gtagggcagt acatgtcaca ggtgcctatg      300
ttcccaccga ggacacctct aacaccccag cagatgcagg agcagcaact tcagcagcag      360
caggctcagc tgctaaattt cagtggccta atggttgcta gacctggcat ggtcaacggc      420
atgcctcagt ccattcaagt tcagcaagct cagccaccac cagcagggaa caaacaggat      480
gctggtgggg tcgccctcgga gccctcgggc attgagaacc acaggagcac tggtggtgat      540
aatgatggtg gaagcgacta g

```

<210> 130  
 <211> 186  
 <212> PRT  
 <213> *Saccharum officinarum*

5

<400> 130

```

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

```

10

<210> 131  
 <211> 642  
 <212> ADN  
 <213> *Saccharum officinarum*

15

<400> 131

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agatgcccacat gccgcggcg cccgcgtgccc cggcgggcgcc cccggcggcc      60
ggcatcacca ccgagcagat ccaaaagtat ttggacgaaa ataagcaact tattttggcc      120
atcctggaaa atcagaactt aggaaagtgt gctgaatgtg ctcagtatca agctcaactt      180
caaaagaacc tcttgtagct ggctgcgatt gctgatgccc aaccccagcc accacaaaac      240
cctgcaggtc gccctcagat gatgcaacct ggtatagtgc caggtgcggg gcattacatg      300
tcacaagtac caatgttccc tccaagaact ccattaaccc cacagcagat gcaagagcag      360
cagcagcaac agcttcagca gcagcaagcg caggctotta cattccctgg acagatggtc      420
atgagaccag ctaccatcaa cggcatacag cagcctatgc aagctgaccc tgcccgggca      480
gctggagctgc aacaaccacc acctatccca gctgacgggc gagtaagcaa gcagcaggac      540
acaacggctg gcgtgagctc agagccttct gccaatgaga gccacaagac cacaactgga      600
gcagatagtg aggcaggtgg tgacgtggcg gagaaatcct aa                          642

```

<210> 132  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> *Saccharum officinarum*

5

<400> 132

```

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

```

10

<210> 133  
 <211> 645  
 <212> ADN  
 <213> *Solanum tuberosum*

15

<400> 133

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttactatcc aacgaacgtc      60
actactgacc atattcaaca gtatttggat gagaacaaat cactcattct gaaaattggt      120
gagagccaaa actcgggaaa actcagtgaa tgtgcagaga accaagctag gcttcagagg      180
aatctgatgt accttgctgc tattgctgat tcacaacctc agccttctag catgcattct      240
cagttctctt ctgggtgggat gatgcagcca gggacacaca gttacctgca gcagcagcag      300
cagcaacaac aagcgcaaca aatggcaaca caacaactca tggctgcaag atcctcatca      360
atgctctatg gacaacaaca gcagcagcag cagcagtctc agttatcaca atttcaacaa      420
ggcttgcata gtagccaact tggcatgagt tctggcagtg gtggaagcac tggacttcat      480
cacatgcttc aaagtgaatc atcacctcat ggtgggtggtt tctctcatga cttcggccgt      540
gcaataaagc aagacattgg gagtagtatg tctgctgaag ggcgcggcgg aagctcaggt      600
ggtgatggtg gtgagaatct ttatctgaaa gcttctgagg attga                          645

```

<210> 134  
 <211> 214  
 <212> PRT  
 <213> *Solanum tuberosum*  
 <400> 134

5

```

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

```

10

210

<210> 135  
 <211> 645  
 <212> ADN  
 <213> *Sorghum bicolor*

15

<400> 135

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agatgcccac gccgcggcg cccgctgccc cggcggcgac ggcgcccccg 60
gcggcggcca tcaccaccga gcagatccag aagtatttgg acgaaaataa gcaacttatt 120
ttggccatcc tagaaaatca gaacttagga aagttggctg aatgtgctca gtatcaagct 180
caacttcaaa agaacctctt gtacctgget gcgattgctg atgcccaacc ccgaccaccg 240
caaaaccctg caggctcgccc tcagatgatg caacctggta tagtgccagg tgcagggcat 300
tacatgtcac aagtaccaat gttccctcca agaactccat taaccccaca gcaaatgcaa 360
gagcagcagc agcaacagct tcagcagcag caagcgcagg ctcttgcatc ccctggggcag 420
atggcatga gaccagctac catcaacggc atgcagcagc ctatgcaggc tgaccctgcc 480
cgggcagcgg agctgcaaca gccagcatct gtcccagccg acgggcgagt aagcaagcag 540
gacacagcgg ctgggggtgag ctcagagcct tctgccaatg agagccacaa gaccacaacc 600
ggagcagata gtgaggcagg tggagacgtg gcggagaaat cctaa 645

```

5 <210> 136  
 <211> 214  
 <212> PRT  
 <213> Sorghum bicolor

<400> 136

```

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

```

10  
 <210> 137  
 <211> 558  
 <212> ADN  
 15 <213> *Triticum aestivum*

<400> 137

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcaag cgatgcccac gccgcggcgc gcggcggcgc cggggatgcc tccgtctgct      60
ggcctcagca ccgagcagat ccaaaagtac ctggatgaaa ataagcaact aatdddggct      120
atcttgaaaa atcagaacct gggaaagtgg gcggaatgtg ctcagtatca agctcagctt      180
cagaagaatc ttttgatatt ggctgcaatc gctgatactc agccacagac cactgtaagc      240
cgtcctcaga tggcaccacc tagtgcaccc ccaggggcag ggcattacat gtcacaggtg      300
ccaatgttcc ctccgaggac ccctctaacg cctcagcaga tgcaggagca gcaactacag      360
cagcaacagg ctcagatgct tccgtttgct ggtcaaattgg ttgcgagacc tggggctgct      420
aatggcatgc ctcaggcccc tcaagttgaa ccagcctatg cagcaggtgg ggccagttct      480
gagccttctg gcaactgagag ccacaggagc actggtgccg ataatgacgg ggggagcggc      540
tgggctgata agtcctaa                                     558

```

5 <210> 138  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Triticum aestivum*

<400> 138

```

Met Gln Gln Ala Met Pro Met Pro Pro Ala Ala Ala Ala Pro Gly Met
1      5      10      15
Pro Pro Ser Ala Gly Leu Ser Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp
      20      25      30
Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly
      35      40      45
Lys Leu Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu
50      55      60
Leu Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Thr Gln Pro Gln Thr Thr Val Ser
65      70      75      80
Arg Pro Gln Met Ala Pro Pro Ser Ala Ser Pro Gly Ala Gly His Tyr
      85      90      95
Met Ser Gln Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln
100      105      110
Gln Met Gln Glu Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln Met Leu Pro
115      120      125
Phe Ala Gly Gln Met Val Ala Arg Pro Gly Ala Val Asn Gly Met Pro
130      135      140
Gln Ala Pro Gln Val Glu Pro Ala Tyr Ala Ala Gly Gly Ala Ser Ser
145      150      155      160
Glu Pro Ser Gly Thr Glu Ser His Arg Ser Thr Gly Ala Asp Asn Asp
165      170      175
Gly Gly Ser Gly Trp Ala Asp Gln Ser
180      185

```

10 <210> 139  
 <211> 603  
 <212> ADN  
 15 <213> *Triticum aestivum*

<400> 139

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagg cgatgtcctt gccccggga ggggtcggcg cgggtgcctc gccggccggc      60
atcaccaccg agcagatcca aaagtatttg gatgaaaata agcaacttat tttggccatc      120
cttgaaaatc agaacctagg aaagttggct gaatgtgctc agtatcaagc tcaactccaa      180
aagaatctct tgtatctagc tgctatcgcg gatgcccac caccacagaa ccctacaagt      240
caccctcaga tgggtgcagcc tggtagtatg caaggtgcag ggcattacat gtcacaagta      300
ccaatgttcc ctccaagaac gcctttaacc ccacagcaga tgcaagagca gcagcaccag      360
cagcttcagc agcagcaagc ccaggccctt tctttccccg cccaggtggg catgagacca      420
ggcaccgtca acggcatgca gcagcctatg caagcagccg gcgacctcca gccagcagca      480
gcacctggag ggagcaagca ggacgcccga gtggctgggg ccagctcgga accatctggc      540

accaagagcc acaagaacgc gggagcagag gaggtggggc ctgatgtagc agaacaatcc      600
taa                                                                                   603

```

5 <210> 140  
 <211> 200  
 <212> PRT  
 <213> *Triticum aestivum*

<400> 140

```

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

```

10  
 <210> 141  
 <211> 672  
 <212> ADN  
 15 <213> *Vitis vinifera*

<400> 141

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cctattacc cagcaacgtc      60
accactgata acattcagca gtatcttgat gaaaacaagt cattgattct gaagattggt      120
gagagccaga attcaggaaa attgactgaa tgtgcagaga accaggcaag actacagaga      180
aacctcatgt acctggctgc aattgctgat tctcaacccc aaccacccac catgcatgct      240
cagttccctc ctagtggcat tgttcagcca ggagctcact acatgcaaca ccaacaagct      300
caacaaatga caccacagtc gctcctggct gcacgctcct ccatgctgta cacccaacaa      360
ccattttcgg ccctgcaaca acaacaagcc atccatagcc agcttggcat gggctctggt      420
ggaagtgcag gacttcacat gctgcaaagc gaggggagta atccaggagg caatggaaca      480
ctggggactg gtggggttcc tgatttcagc cgtggaactt ctggagaagg cctgcaggct      540
gcaggcaggg gaatggctgg tgggagcaag caagatatgg gaaatgcaga agggcgagga      600
gggaactcag gaggtcaggg tggggatgga ggtgagactc tttacttgaa agctgctgaa      660
gatgggaatt ga
    
```

5 <210> 142  
 <211> 223  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

<400> 142

```

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

10 <210> 143  
 <211> 663  
 <212> ADN  
 15 <213> *Zea mays*

<400> 143



ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc agatgcccat gccgcggcgc cccgctgccg ccgcggcggc ggcgcccccg      60
ggggcaggca tcactaccga gcagatccag aagtatttgg acgaaaataa gcaacttatt      120
ttggccatcc tggaaaatca gaacttaggg aagttaggctg aatgtgctca gtatcaagct      180
caacttcaaa agaacctctt gtacctggtt gcgattgctg atgccaacc ccagcctccg      240
caaaaccttg caggtcgccc tcagatgatg cagcctggta tagtgccagg tgcggggcat      300
tacatgtcac aagtaccaat gttccctcca agaaccccat taaccacaca gcagatgcag      360
gagcagcagc aacaacaaca gtttcagcag cagcagcagc aagtgcaggc tcttacattt      420
cctggacaga tggatcatgag accaggcacc atcaacggca tgcagcagca gcagcctatg      480
caggctgacc ctgcccgggc agcagcggag ctgcagcagg cagcacctat cccagctgac      540
gggcgaggaa gcaagcagga caccgcgggg ggggcgagct cagagccttc tgccaatgag      600
agccacaaga gcgccaccgg agcagatacc gaggcagggt gcgacgtggc cgagaaatcc      660
taa

```

<210> 144  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

5

<400> 144

```

Met Gln Gln Gln Met Pro Met Pro Pro Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ala
1      5      10      15
Ala Ala Pro Pro Ala Ala Gly Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr

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

```

10

<210> 145  
 <211> 2193  
 <212> ADN  
 <213> *Oryza sativa*

15

<400> 145

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgttttcacc	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaatataaaa	tgagacctta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccaccta	ctttagtggc	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttctg	180
tttcccttagt	aattaagtgg	gaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240
tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTta	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaga	ttaaacata	taattatata	atTTTtatagt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatttttat	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	ttttttcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgtctatgtg	catgtgtgag	tgcacctcct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatttaa	tacatttagg	tagcaatatc	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	acttttaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aatTTTtacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtttttc	acatacaaaa	780
aaaaaaaagaa	ttttgctcgt	gctgagagcg	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgcccacaga	acaaccaca	aaaaacgatg	atctaacgga	ggacagcaag	900
tccgcaacaa	cctTTtaaca	gcaggctttg	cggccaggag	agaggaggag	aggcaagaa	960
aaccaagcat	cctcctcctc	ccatctataa	attcctcccc	ccttttcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gagggagagc	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	cttcgatcca	tatcttccgg	tcgagttctt	ggtcgatctc	ttcctcctc	1140
cacctcctcc	tcacagggta	tgtgcccttc	ggttgttctt	ggatttattg	ttctaggttg	1200
tgtagtacgg	gcgttgatgt	taggaaaggg	gatctgtatc	tgtgatgatt	cctgttcttg	1260
gatttgggat	agaggggttc	ttgatgttgc	atggtatcgg	ttcggtttga	ttagtagtat	1320
ggttttcaat	cgtctggaga	gctctatgga	aatgaaatgy	tttagggtag	ggaatcttg	1380
gattttgtga	gtaccttttg	tttgaggtaa	aatcagagca	ccggtgatTT	tgcttgggtg	1440
aataaaaagta	cgggttgtttg	gtcctcgatt	ctggtagtga	tgcttctcga	tttgacgaag	1500
ctatcctttg	tttattccct	attgaacaaa	aataatccaa	ctttgaagac	ggtcccgttg	1560
atgagattga	atgattgatt	cttaagcctg	tccaaaattt	cgcagctggc	ttgtttagat	1620
acagtagtcc	ccatcacgaa	attcatggaa	acagttataa	tcctcaggaa	caggggattc	1680
cctgttcttc	cgatttgctt	tagtcccaga	atTTTTTTtc	ccaaatatct	taaaaagtca	1740
ctttctgggt	cagttcaatg	aattgattgc	tacaaataat	gcttttatag	cgttatccta	1800
gctgtagtct	agttaatag	taataccctt	atagtttagt	caggagaaga	acttatccta	1860
tttctgatct	ccatttttaa	ttatatgaaa	tgaactgtag	cataagcagt	attcatttgg	1920
attatttttt	ttattagctc	tcacccttcc	attattctga	gctgaaagtc	tyggcatgaac	1980
tgtcctcaat	tttgttttca	aattcacatc	gattatctat	gcattatcct	cttgtatcta	2040
cctgtagaag	tttctttttg	gttattcctt	gactgcttga	ttacagaaag	aaatttatga	2100
agctgtaatc	gggatagtta	tactgcttgt	tcttatgatt	catttctctt	gtgcagttct	2160
tggtgtagct	tgccactttc	accagcaaa	g			2193

<210> 146  
 <211> 12  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Caja I

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (3)..(3)  
 <223> /sustituir = "Lys"

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (4)..(4)  
 <223> /sustituir = "Met" /sustituir = "Phe" /sustituir = "His"

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

ES 2 558 133 T3

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (7)..(7)  
 <223> /sustituir = "Asp"  
 5

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (9)..(9)  
 <223> /sustituir = "Asn"  
 10

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (10)..(10)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural  
 15

<400> 146  
  

Ile	Gln	Gln	Tyr	Leu	Asp	Glu	Asn	Lys	Xaa	Leu	Ile
1				5					10		

<210> 147  
 <211> 10  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 20

<220>  
 <223> Caja II  
 25

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (3)..(3)  
 <223> /sustituir="Leu" /sustituir="Val"  
 30

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (7)..(7)  
 <223> /sustituir="Thr"  
 35

<400> 147  
  

Asn	Leu	Met	Tyr	Leu	Ala	Ala	Ile	Ala	Asp
1				5					10

<210> 148  
 <211> 53  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 40

<220>  
 <223> cebador: prm06681  
 45

<400> 148  
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgca acagcacctg atg 53  
 50

<210> 149  
 <211> 50  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 55

<220>  
 <223> cebador: prm06682  
 60

<400> 149  
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc atcattaaga ttcctgtgc 50

ES 2 558 133 T3

<210> 150  
 <211> 615  
 <212> ADN  
 <213> *Brassica napus*

5

<400> 150

```

atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggctg gttactaccc cagcaatgtc      60
acctctgatac atattcagca gtacttggac gagaacaaat cgttgattct gaagatagtt     120
gaatctcaaa actcgggaaa gctcagcgag tgtgccgaga accaggcaag gcttcaacgc     180
aacttaatgt acttagctgc aattgcagat tctcagcctc aacctccaag catgcatagc     240
cagtatggaa ctgctgggtg tgggtgggtg atgcagggag aaggagggtc acactatttg     300
caacagcaac aggcaattca acagcagcag agtcagcagt ctctaattgc ggctcgatct     360
tcaatgttgt atgctcagca gcagcaacag ccttatgcaa cgcttcagca gcagcaattg     420
caccatagcc agcttgggat gagctcaagc agcggaggag gaagcagcgg tctccatag     480
ctacagggag aggctgggtg gtttcatgat tttggccgtg agaagttgga aatgggaagt     540
ggtgaaggca gaggaggaag ctcaggggat ggtggagaaa ccctttactt gaagtcatca     600
gatgatggga actga                                                              615
    
```

10

<210> 151  
 <211> 204  
 <212> PRT  
 <213> *Brassica napus*

15

<400> 151

```

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

20

<210> 152  
 <211> 639  
 <212> ADN  
 <213> *Glycine max*

25

<400> 152

ES 2 558 133 T3

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggctg cctactaccc caacaacgtc      60
accactgatc acattcaaca gtacctggat gagaacaagt ccttgattct gaagattggt      120
gaaagccaga attctggcaa gctgagcgag tgtgccgaga accaatcaag gctgcagaga      180
aatctcatgt acctagctgc aatagctgat tctcaaccac aacctctcc attggctggt      240
cagtatcctt ctagtggact tgtgcagcag ggagcacact acatgcaggc tcaacaggct      300
cagcagatgt cacaacaaca gctaatggct tcgcgctcct cgctcctgta ctcccaacag      360
cctttctcag tgcttcaaca gcagcaaggc atgcacagcc aacttggcat gagctccagt      420
ggaagtcaag gcctccacat gctgcaaagt gaagccacta atggtggagg caatgcaacc      480
ataggaaccg gaggagggtt tccggacttt gtacgcattg gtagtggcaa gcaagatatt      540
ggaatctctg gtgaaggcag aggaggaaac tctagtggcc actctggtga tggtggtgag      600
acacttaatt acctgaaagc tgctggtgat ggaaactga      639
    
```

<210> 153  
 <211> 212  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5

<400> 153

10

```

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

## REIVINDICACIONES

1. Procedimiento para aumentar el rendimiento de la planta en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes con respecto a las plantas de control, en el que dicho rendimiento de la planta es uno cualquiera o más de rendimiento de semilla total, número de semillas llenas, tasa de llenado de semilla, PMG e índice de cosecha, siendo dicho índice de cosecha la proporción del rendimiento de semilla dividido entre la biomasa total, en el que dicho procedimiento comprende modular la expresión en una planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido de translocación de sarcoma sinovial (SYT), y opcionalmente seleccionar plantas que tienen rendimiento aumentado, en el que dicha expresión modulada se efectúa mediante la introducción y la expresión en una planta, parte de planta o célula de planta, de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT y en el que dicho polipéptido SYT comprende del N-terminal al C-terminal: (i) un dominio HNS que tiene al menos el 65% de identidad de secuencia con el dominio HNS de SEC ID N°: 58; y (ii) un dominio rico en Met; y (iii) un dominio rico en QG.
2. Procedimiento de acuerdo con la reivindicación 1, en el que dicho dominio HNS comprende los restos mostrados en negro en la Figura 6 y/o en el que dicho dominio HNS está representado en SEC ID N°: 57 y/o en el que dicho polipéptido SYT adicionalmente comprende uno o más de los siguientes: (i) SEC ID N°: 146; (ii) SEC ID N°: 147; (iii) un dominio rico en Met en el extremo N precediendo al dominio HNS.
3. Procedimiento de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, en el que dicho estrés por disponibilidad reducida de nutrientes es disponibilidad reducida de nitrógeno.
4. Procedimiento de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en el que dicha secuencia de ácido nucleico es una o más de las siguientes variantes de ácido nucleico de SYT:
- (i) una porción de una secuencia de ácido nucleico de SYT;
  - (ii) una secuencia de ácido nucleico capaz de hibridar con una secuencia de ácido nucleico de SYT;
  - (iii) una variante de corte y empalme de una secuencia de ácido nucleico de SYT;
  - (iv) una variante alélica de una secuencia de ácido nucleico de SYT;
  - (v) una secuencia de ácido nucleico de SYT obtenida mediante combinación de genes;
  - (vi) una secuencia de ácido nucleico de SYT obtenida mediante mutagénesis dirigida.
5. Procedimiento de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en el que dicha secuencia de ácido nucleico codifica uno cualquiera de los polipéptidos SYT proporcionados en la Tabla 6, u ortólogos o parálogos de cualquiera de las SEC ID N° mencionadas anteriormente y/o en el que dicha secuencia de ácido nucleico codifica los polipéptidos SYT como se representa en SEC ID N°: 60, SEC ID N°: 151 o SEC ID N°: 153.
6. Procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en el que dicha secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT está sobreexpresada en una planta.
7. Procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6, en el que dicha secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT es de origen vegetal.
8. Procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en el que dicha secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT está unida operativamente a un promotor constitutivo, preferentemente en el que dicho promotor constitutivo es derivado de planta, preferentemente de una planta monocotiledónea, preferentemente en el que dicho promotor constitutivo es un promotor GOS2.
9. Procedimiento de producción de una planta transgénica, preferentemente una planta monocotiledónea, que tiene uno cualquiera o más de rendimiento de semilla total aumentado, número de semillas llenas aumentado, tasa de llenado de semilla aumentada, PMG aumentado e índice de cosecha aumentado, siendo dicho índice de cosecha la proporción del rendimiento de semilla dividido entre la biomasa total, con respecto a las correspondientes plantas de tipo silvestre en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes, cuyo procedimiento comprende:
- (i) introducir y expresar en una planta o célula de planta, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido SYT como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1-2, 4, 5 y 7;
  - (ii) cultivar la célula de planta en condiciones que promuevan el crecimiento y el desarrollo de la planta.
10. Uso de una secuencia de ácido nucleico de SYT, o el uso de un polipéptido SYT como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1-2, 4, 5 y 7, en la mejora del rendimiento en estrés por disponibilidad reducida de nutrientes con respecto a las plantas de control y/o en el que dicho rendimiento aumentado es uno o más de los siguientes: rendimiento de semilla total, número de semillas llenas, tasa de llenado de semilla, PMG e índice de cosecha, en el que el índice de cosecha es la proporción del rendimiento de semilla dividido por la biomasa total.

Estructura del polipéptido similar a SYT de planta



Estructura del polipéptido similar a SYT de mamífero



FIGURA 1

Brana_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMGYRSN-V	ORNLVLEALAI	SOQ	PSVHS
Brana_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MPSMPTN	ORNLVLEALAI	SOQ	PPPPSTAGATPPAMASQ
Bradi_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	SAGAVPAG	ORNLVLEALAI	SOQ	FOMGSRP
Aguio_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMPYSANS	ORNLVLEALAI	SOQ	FENMHA
Alice_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	TMGSVPTSS	ORNLVLEALAI	SOQ	QSDVRL
Pinta_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Picso_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Sorbi_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Lacse_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MWSSSFTM	ORNLVLEALAI	SOQ	FOMGSRP
Horvu_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Sacof_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	QAPGMPAG	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Zeama_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Triae_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Poptir_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Vitvi_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Triae_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Soltu_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Sacof_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Panvi_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Maldo_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Lycles_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Goshi_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Goshi_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Glyso_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Glyma_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Eupes_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Citsi_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Orysa_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Arath_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Zeama_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Mectr_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Citsi_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Arath_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Zeama_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Aspot_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Orysa_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Arath_SY13	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Orysa_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Soltu_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Mectr_SY12	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Homsa_SY11	(1)	MOOHLKOMOR	MMAVANSN	ORNLVLEALAI	SOQ	ACTAHA
Consenso	(1)	QQQQMMP	MMAAYF	ITTEQRYLDENK	LILALENONLGLAECAQYQA	LQRLMYLAARAQPO P

Consenso

FIGURA 2



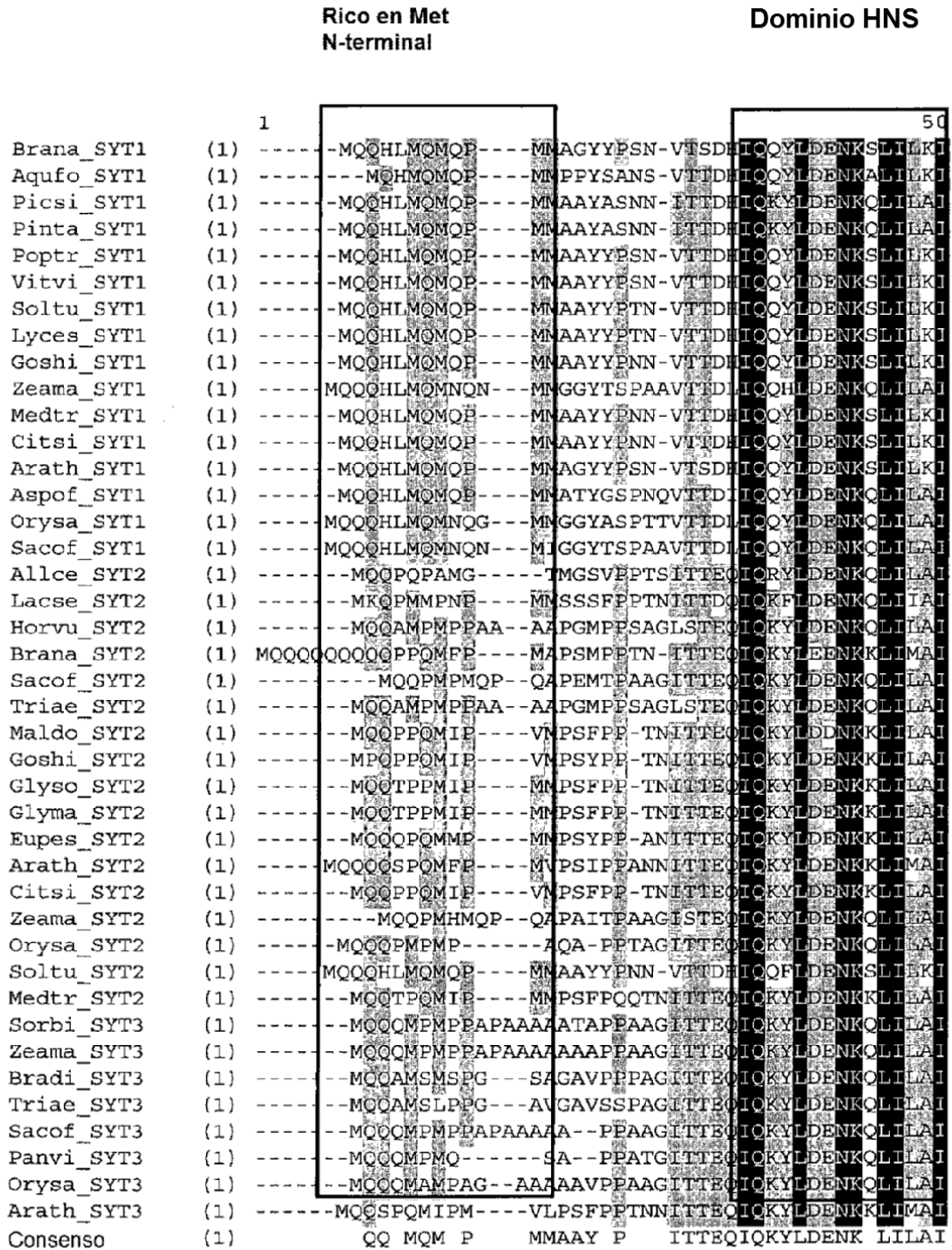


FIGURA 3

Dominio HNS (Continuación)

Dominio rico en Met/  
rico en QG

	51	100
Brana_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PESVHS
Aqufo_SYT1 (38)	LEGNNSGKLVSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PKNMHA
Picsi_SYT1 (40)	LEGNNSGKRNSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----AQTAHA
Pinta_SYT1 (40)	LEGNNSGKRNSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----AQTAHA
Poptr_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PETMHA
Vitvi_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PETMHA
Soltu_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PSSMHS
Lyces_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PSSMHS
Goshi_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PETVHA
Zeama_SYT1 (43)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTAPLS
Medtr_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PETMPG
Citsi_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PESVHA
Arath_SYT1 (40)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PESVHS
Aspof_SYT1 (41)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QVPTIA
Orysa_SYT1 (43)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTAAMS
Sacof_SYT1 (43)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTAPLS
Allce_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QSEAVRL
Lacse_SYT2 (40)	MENNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----TLNISYXM
Horvu_SYT2 (42)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTSVSRP
Brana_SYT2 (46)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PPSTAGATPPPAMASQ
Sacof_SYT2 (40)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTAVSRP
Triae_SYT2 (42)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTTVSRP
Maldo_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----AFAAPP
Goshi_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----TPAMSP
Glyso_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----TPAMPP
Glyma_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----TPAMPP
Eupes_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----TEPMPP
Arath_SYT2 (42)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PPPTPGPSPSTAVAAQ
Citsi_SYT2 (39)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----AETMPP
Zeama_SYT2 (40)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTAVSRP
Orysa_SYT2 (38)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----QTTISRP
Soltu_SYT2 (41)	VEGNSGKLSSECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PESMHS
Medtr_SYT2 (40)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----TEALPP
Sorbi_SYT3 (44)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNPAGRP
Zeama_SYT3 (44)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNPAGRP
Bradi_SYT3 (41)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNEGSRP
Triae_SYT3 (41)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNETSHP
Sacof_SYT3 (42)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNEAGRP
Panvi_SYT3 (36)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNEASRP
Orysa_SYT3 (42)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PQNEGSRP
Arath_SYT3 (41)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	-----PPPAATLTSGAMTPQA
Consenso (51)	LEGNNSGKARECAENCAKIQKRNLYLAATAISQEQ	P

FIGURA 3 (continuación)

**Dominio rico en Met / rico en QG (continuación)**

		101				150
Brana_SYT1	(81)	QYGSAGGGLIQEGAS	---	HYLQ	QQQATQQ	-----QQ
Aqufo_SYT1	(79)	QYSNAG	----	IPPGA	---	HYLQHQAQQ
Picsi_SYT1	(81)	QIPPNA	---	VMQSGG	---	HYMQHQQAQQQ
Pinta_SYT1	(81)	QIPPNA	---	VMQSGG	---	HYMQHQQAQQQ
Poptr_SYT1	(81)	QFPSSG	---	IMQPGA	---	HYMQHQQAQQ
Vitvi_SYT1	(81)	QFPSSG	---	IVQPGA	---	HYMQHQQAQQ
Soltu_SYT1	(81)	QFSSGG	---	MMQPGT	---	HSYLQ
Lyces_SYT1	(81)	QFSSGG	---	MMQPGT	---	HSYLQ
Goshi_SYT1	(81)	QFPSSG	---	IMQPGAG	---	HYMQHQQAQQ
Zeama_SYT1	(84)	QYPSN	---	LMMQPGP	---	RYMPP-QSGQ
Medtr_SYT1	(81)	QYPSN	---	LMMQPGP	---	RYMPP-QSGQ
Citsi_SYT1	(81)	QFSSGG	---	IMQPGA	---	HYMQHQQAQQ
Arath_SYT1	(81)	QYGSAGGGLIQEGGS	---	HYLQ	QQQATQQ	-----QQ
Aspof_SYT1	(81)	QYPPNA	---	VAAMQSSA	---	RYMQHQQAQQ
Orysa_SYT1	(84)	QYPSN	---	LMMQSGA	---	RYMPQ-QSAQ
Sacof_SYT1	(84)	QYPSN	---	LMMQPGP	---	RYMPP-QSGQ
Allce_SYT2	(80)	QMMQPG	---	AAATPQAGNQFMQ	Q	QSENFP
Lacse_SYT2	(87)	GPVPHP	---	GMQCGG	---	FYMAQHQQA
Horvu_SYT2	(83)	QMAPPA	---	ASPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Brana_SYT2	(96)	MGAPHP	---	GMQPP	---	SYFMQHPQASGMAQQA
Sacof_SYT2	(81)	QMAPPG	---	ALPGVG	---	QYMSQVPMFPPRT
Triae_SYT2	(83)	QMAPPS	---	ASPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Maldo_SYT2	(80)	QMAPHP	---	AMQQA	---	GYMQHPQAAAMAQQQ
Goshi_SYT2	(81)	QMAPHP	---	AMQPG	---	GYFMQHPQAAAMSQQP
Glyso_SYT2	(80)	QMAPHP	---	AMQP	---	GFYMQHPQAAAAAMAQQQQ
Glyma_SYT2	(80)	QMAPHP	---	AMQP	---	GFYMQHPQAAAAAMAQQQQ
Eupes_SYT2	(80)	QMSPHP	---	AMQQG	---	AYYMQHPQAAAAAMAHQSG
Arath_SYT2	(92)	MATPHS	---	GMQPP	---	SYFMQHPQAS
Citsi_SYT2	(80)	QMAPHP	---	AMQAS	---	GYMQHPQAAAMAQQQ
Zeama_SYT2	(81)	QMAPPG	---	GSPGVG	---	QYMSQVPMFPPRT
Orysa_SYT2	(79)	QMVPHG	---	ASPGG	---	QYMSQVPMFPPRT
Soltu_SYT2	(82)	QLASGG	---	MMQGA	---	HYMQQQ
Medtr_SYT2	(81)	QMAPHP	---	AMQQ	---	GFYMQHPQAAAMAQQQ
Sorbi_SYT3	(88)	QMMQPG	---	IVPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Zeama_SYT3	(88)	QMMQPG	---	IVPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Bradi_SYT3	(83)	QMVQPG	---	GMFGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Triae_SYT3	(83)	QMVQPG	---	SMQAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Sacof_SYT3	(86)	QMMQPG	---	IVPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Panvi_SYT3	(80)	QMMQPG	---	MVPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Orysa_SYT3	(84)	QMMQPG	---	ATPGAG	---	HYMSQVPMFPPRT
Arath_SYT3	(91)	MAPNPS	---	SMQPPP	---	SYFMQHPQAVG-MAQQ
Consenso	(101)	QM	G	M	G	YYMQ PQA

**FIGURA 3 (continuación)**

**Dominio rico en Met / rico en QG (continuación)**

		151			200
Brana_SYT1	(110)	MTQOQSLMAAR	SSMMYQ	Q	Q
Aqufo_SYT1	(100)	MTQOQSLMAAR	SNMLYAQ	PITG	
Picsi_SYT1	(104)	VTPOQSLMAAR	SSMLYSQ	PMAALHQA	Q
Pinta_SYT1	(104)	VTPOQSLMAAR	SSILYAQ		
Poptr_SYT1	(103)	MTPOALMAAR	SSMLQY	Q	Q
Vitvi_SYT1	(103)	MTPOSLLAAR	SSML	Y	Q
Soltu_SYT1	(108)	MATQOQSLMAAR	SSSMLY	Q	Q
Lyces_SYT1	(108)	MATQOQSLMAAR	SSSMLY	Q	Q
Goshi_SYT1	(104)	MTQOQSLMAAR	SSML	Y	Q
Zeama_SYT1	(106)	MNPOQSLMAAR	SSMMYA	HPS	
Medtr_SYT1	(103)	MTQOQSLMAAR	SSLM	Y	Q
Citsi_SYT1	(103)	MTPOQSLMAAR	SSMV	Y	Q
Arath_SYT1	(110)	MTQOQSLMAAR	SSMLYA	Q	Q
Aspof_SYT1	(106)	MTPOQSLMAAR	SSMLYS	Q	Q
Orysa_SYT1	(106)	MAPQOQSLMAAR	SSMMYA	Q	Q
Sacof_SYT1	(106)	MSPOQSLMAAR	SSMMYA	HPS	
Allce_SYT2	(112)	FTPQOQVQELQ	Q	Q	Q
Lacse_SYT2	(119)	GFPPQMPGMC	FNS		
Horvu_SYT2	(109)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Brana_SYT2	(137)	GSPHQLDPC	Q		
Sacof_SYT2	(107)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Triae_SYT2	(109)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Maldo_SYT2	(118)	NNMHQMHDP		Q	Q
Goshi_SYT2	(119)	NSPHQMDPC	HLLY		
Glyso_SYT2	(121)	GNPHQMQEQ	Q		
Glyma_SYT2	(120)	GNPHQMQEQ	Q		
Eupes_SYT2	(121)	NNPHQIQDPC		Q	Q
Arath_SYT2	(126)	GSPLOFQDPC	Q		
Citsi_SYT2	(118)	NNPHQLDPC	Q	LH	
Zeama_SYT2	(107)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Orysa_SYT2	(106)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Soltu_SYT2	(104)	LTQOQSLMAAR	SSSMLY	Q	Q
Medtr_SYT2	(118)	GNEHQMDQ	H	Q	Q
Sorbi_SYT3	(114)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Zeama_SYT3	(114)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Bradi_SYT3	(109)	LTPOQMQEQ	H	Q	Q
Triae_SYT3	(109)	LTPOQMQEQ	H	Q	Q
Sacof_SYT3	(112)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Panvi_SYT3	(106)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Orysa_SYT3	(110)	LTPOQMQEQ	Q	Q	Q
Arath_SYT3	(132)	GSPHQFLDPC	Q		
Consenso	(151)	MTPQQLQE Q	Q	Q	Q

**FIGURA 3 (continuación)**

Dominio rico en Met / rico en QG (continuación)

		201		250
Brana_SYT1	(144)	LGMSSSS-GGG-----	SSGLHILQG---EAG-----	GFHEFGRG-
Aqufo_SYT1	(131)	LGMSS-----GG-----	NSGLHMMHNEG---S-----	MGGSGALGS
Picsi_SYT1	(148)	LGINS-----GG-----	SSGLHMLHGFTN-MG-----	CNGPLSSGG
Pinta_SYT1	(144)	LGINS-----GG-----	SSGLHMLHGFTN-MG-----	CNGPLSSGG
Poptr_SYT1	(136)	LGMSS-----GG-----	SAGLHMMQSEANTAG-----	GSGALGAGR
Vitvi_SYT1	(135)	LGMGS-----GG-----	SAGLHMLQSEGSNPG-----	CNGTLGTGG
Soltu_SYT1	(147)	LGMSSG--SGGS-----	TGLHHMLQSE-----	SSPHGGGF
Lyces_SYT1	(144)	LGMSSG--SGGS-----	TGLHHMLQSE-----	SSPHGGGF
Goshi_SYT1	(138)	LGMSS-----GG-----	STGLHMLQTESSTAG-----	GSGALGAGG
Zeama_SYT1	(138)	LGMAPGGGGGT-----	TSGFSLHGEASMGGGGAGAGAGNMMNAGM	
Medtr_SYT1	(131)	LGMS-----SG-----	SQGLHMLHSEGANVG-----	GNSLGGAG-
Citsi_SYT1	(135)	LGMSS-----GG-----	SSGLHMLQSEGSTAG-----	GSGSLGGGG
Arath_SYT1	(147)	LGMSSSS-GGGG-----	SSGLHILQG---EAG-----	GFHDFGRG-
Aspof_SYT1	(141)	LAMSSCGNNS-S-----	TGGFTILHGEASIGG-----	NGSMNSGGV
Orysa_SYT1	(143)	LGMSSG--T-----	TSGFSLHGEASMGGGGGGGAGNSMMNAGV	
Sacof_SYT1	(138)	LGMSGGGGG-T-----	TSGFNILHGEASMCG-AGGACAGNMMNAGM	
Allce_SYT2	(139)	MGMRP--MNGMQ-----	AAMHADSSLAY-----	NTNNKQDAG-
Lacse_SYT2	(139)	MGGRSGGPPSS-----	AASDVWRG-----	SMQDGG---
Horvu_SYT2	(133)	MVARPGAVNGIP-----	QAPQVEQP-----	
Brana_SYT2	(159)	MGMRPMGINNN-----	GMQHMQQQQP-----	ETSLGGS---
Sacof_SYT2	(131)	MVARPGMVNGMP-----	QSIQVQQAQ-----	PPPAGN--
Triae_SYT2	(133)	MVARPGAVNGMP-----	QAPQVEP-----	
Maldo_SYT2	(137)	MGMRPGGPNMP-----	SMLHTEATHCG-----	GS-GGPNSAG
Goshi_SYT2	(143)	MGTRPGGPNNSM-----	HPMHSEASLGG-----	GSSGGPPQPS
Glyso_SYT2	(142)	MGLRPGGINNGM-----	HPMHNE-----G-----	GNSGGPPSAT
Eupes_SYT2	(141)	MGLRPGDINNGM-----	HPMHSEALGG-----	GNSGGPPSAT
Eupes_SYT2	(141)	MGMRPMPINNGM-----	HPMHPEANLGG-----	SN-----
Arath_SYT2	(149)	MGTRPMGMTNN-----	GMQHMQQ--P-----	ETGLGG---
Citsi_SYT2	(140)	MGMRPGATNNGM-----	HPMHSEASLGG-----	GSSGGPPSAS
Zeama_SYT2	(131)	MVARPGMVNGMA-----	QSMQAQLP-----	P-GVN--
Orysa_SYT2	(130)	MVMRPGVNGIP-----	QLLQGMHRG-----	AD-----
Soltu_SYT2	(147)	LGMSSS--GGGS-----	SSGLHMLQSEN---T-----	HSASTGGGG
Medtr_SYT2	(144)	MGLRPGGINNGM-----	HPMHNEALCG-----	SGSGGQMTGV
Sorbi_SYT3	(141)	MVMRPATINGMQQ--PMQADPAR-AAELQQPASV-----		PADGRVSK--
Zeama_SYT3	(144)	MVMRPGTINGMQQQPMQADPARAAAELQQAAP-----		PADGRGSK--
Bradi_SYT3	(136)	MVMRPGTVNGMQP-----	MQADLQAAAAAPG-----	LADSRGSKQ-
Triae_SYT3	(136)	VVMRPGTVNGMQ-----	QPMQAAGDLQF-----	AAAPGGSKQ-
Sacof_SYT3	(139)	MVMRPATINGIQQ--PMQADPAR-AAELQQPPI-----		PADGRVSKQ-
Panvi_SYT3	(135)	MVMRP--TINGMQP--MQADPAAAAASLQQSAPG-----		PIDGRGGK--
Orysa_SYT3	(137)	MLMRPGTVNGMQS--IPVADPAR-AADLQTAAPG-----		SVDGRGNE--
Arath_SYT3	(153)	MGTRPMGLNNNN-----	GLQHQMHHHET-----	ALAANNA---
Consenso	(201)	MGMRPG NG	ML E G	G

FIGURA 3 (continuación)

**Dominio rico en Met / rico en QG (continuación)**

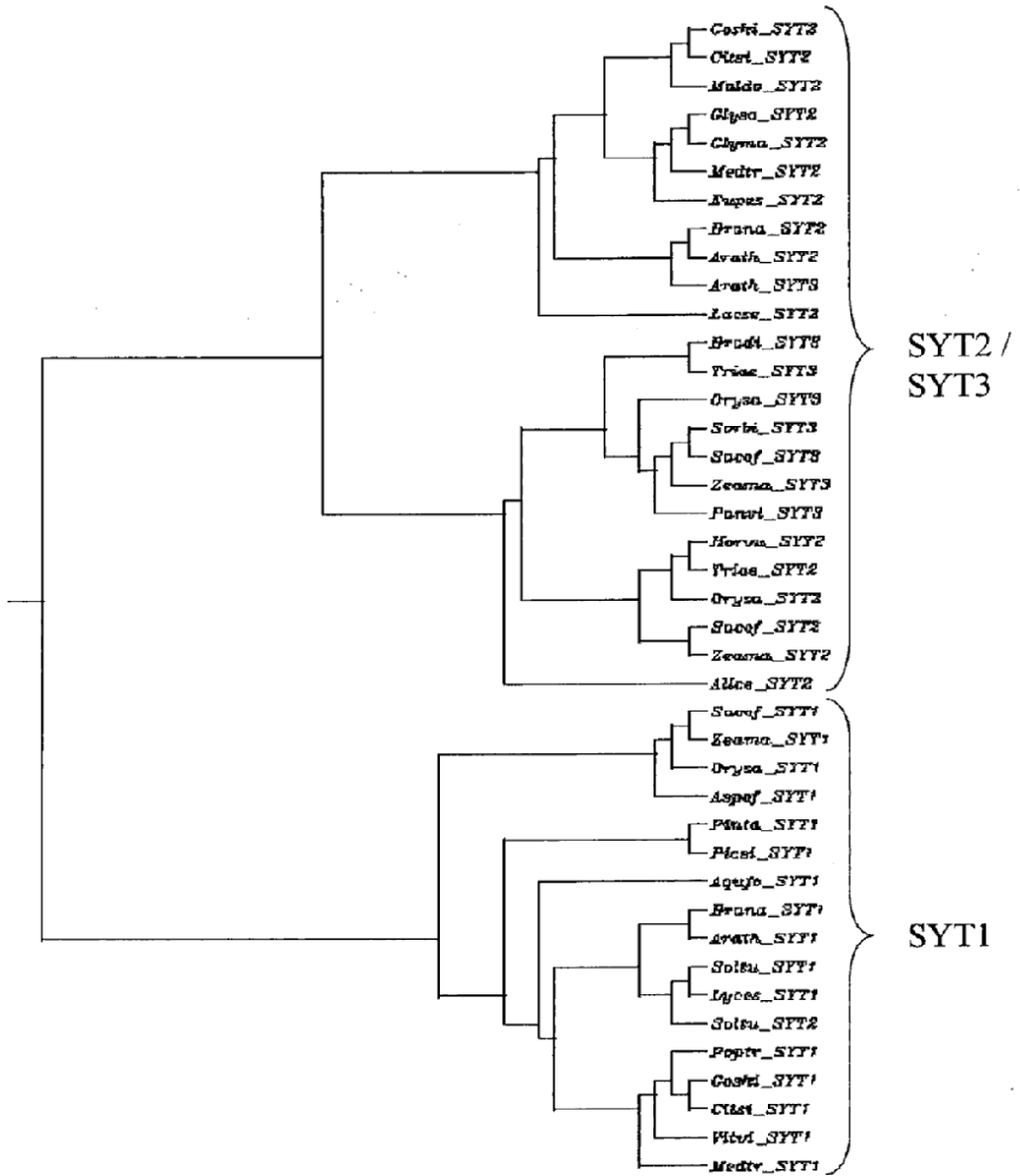
		251		300
Brana_SYT1	(174)	KPEMGSG	-----	EGRCGSS
Acufo_SYT1	(159)	YSDYGRG	-----	GSGEGRGGNS
Picsi_SYT1	(178)	FPEFGRGSATS	AEQMQRGFTLDRGSNKQDGVGSENAHPGAGDGRGSST	
Pinta_SYT1	(174)	FPEFGRGSATS	ADGMQVNRGFALDRGSNKQDGVGSENAHAGAGDGRGSST	
Poptr_SYT1	(167)	FPDFGMD	---ASS-----	RGIASGSKQDIRSA---GSSEGRGGSS
Vitvi_SYT1	(166)	FPDFSRG	---TSGEGLQAAGRGMAGGSK---	QDM---GNAEGRGGNS
Soltu_SYT1	(175)	SHDFGR	-----	ANKQDIGSS---MSAEGRGGSS
Lyces_SYT1	(172)	SHDFGR	-----	ANKQDIGSS---MSAEGRGGSS
Goshi_SYT1	(169)	FPDFGRG	---SSGEGIHGG-RPMAGGSKQDIGSA---	GSAEGRGGSS
Zeama_SYT1	(181)	FSGFGRS	---GSG-----	AKEG---STSLSDVVRG
Medtr_SYT1	(161)	FPDFGRS	---SAGDGLHG-----	SGKQ---DI---GSTDGRGGSS
Citsi_SYT1	(166)	FPDFGRG	---SSGEGLHS---	RGMGSKHDIGSS---GSAEGRGGSS
Arath_SYT1	(178)	KPEMGSG	---GGG-----	EGRCGSS
Aspof_SYT1	(176)	FGDFGRS	---SGG-----	KQETG
Orysa_SYT1	(182)	FSDFCRG	---GGGG-----	GKEG---STSLSDVVRG
Sacof_SYT1	(179)	FSGFGRS	---GSG-----	AKEG---STSLSDVVRG
Allce_SYT2	(169)	--NAAYE	-----	NTA-----ANTDGSIQKK
Lacse_SYT2	(164)	---G	---GAA-----	ADGGKDGHAG
Horvu_SYT2	(153)	--AYAAG	---GAS-----	SEPSGTESHR
Brana_SYT2	(189)	AANVGLR	---GGK-----	QDG
Sacof_SYT2	(158)	--KQDAG	---GVA-----	SEPSGIENHR
Triae_SYT2	(152)	--AYAAG	---GAS-----	SEPSGTESHR
Maldo_SYT2	(169)	DPNDCRG	---GSK-----	QDASESGAGG
Goshi_SYT2	(176)	GPSDGRA	---GNK-----	QEGSEAGGN-
Glyso_SYT2	(171)	GPNDARG	---GSK-----	QDASEAGTAG
Glyma_SYT2	(174)	GPNDARG	---GSK-----	QDASEAGTAG
Eupes_SYT2	(166)	--DCRG	---GNK-----	QDAPETGASG
Arath_SYT2	(175)	--NVGLR	---GGK-----	QDG
Citsi_SYT2	(173)	GPGDIRG	---GNK-----	QDASEAGTTG
Zeama_SYT2	(155)	--KQDAG	---GVA-----	SEPSGTESHR
Orysa_SYT2	(154)	--HQNAG	---GAT-----	SEPS--ESH
Soltu_SYT2	(178)	FPDFGRG	---LGS-----	GNKHEMGSS---MSDQGRGGSS
Medtr_SYT2	(177)	VVEQAR	-----	CFGAGTAG
Sorbi_SYT3	(180)	--QDTAA	---GVS-----	SEPSANESHK
Zeama_SYT3	(186)	--QDTAG	---GAS-----	SEPSANESHK
Bradi_SYT3	(171)	--DAAVA	---GAI-----	SEPSGTESHK
Triae_SYT3	(168)	--DAAVA	---GAS-----	SEPSGTSKSHK
Sacof_SYT3	(179)	--QDTTA	---GVS-----	SEPSANESHK
Panvi_SYT3	(173)	--QDATA	---GVS-----	TEPSGTESHK
Orysa_SYT3	(176)	---Q	---DAT-----	SEPSGTESHK
Arath_SYT3	(183)	GPNDASG	---GGK-----	PDGTINMSQSG
Consenso	(251)	GRG	G	G G

**FIGURA 3 (continuación)**

**Dominio rico en Met / rico en QG  
(continuación)**

		301	324
Brana_SYT1	(188)	G-----DGGETLYLKS--SDDGN-	
Aqufo_SYT1	(191)	GGQS-ADGGESLYLKN--SDEGN-	
Picsi_SYT1	(228)	GGQN-ADESEPSYLKA--SEE---	
Pinta_SYT1	(224)	GGQN-ADESEPSYLKA--SEEEGN	
Poptr_SYT1	(201)	GGQGG-DGGETLYLKS--ADDGN-	
Vitvi_SYT1	(204)	GGQGG-DGGETLYLKA--AEDGN-	
Soltu_SYT1	(200)	---GG-DGGENLYLKA--SED---	
Lyces_SYT1	(197)	---G---G-ENLYLKA--SED---	
Goshi_SYT1	(209)	GGQGGDGGETLYLKA--ADDGN-	
Zeama_SYT1	(205)	GTSSGAQSGDGEYLKVGTEEEGS-	
Medtr_SYT1	(192)	SGHSG-DGGETLYLKS--SGDGN-	
Citsi_SYT1	(203)	GSQ---DGGETLYLKG--ADDGN-	
Arath_SYT1	(195)	G-----DGGETLYLKS--SDDGN-	
Aspof_SYT1	(191)	--SEGHGTETPMYKLG-SEEEGN-	
Orysa_SYT1	(207)	-ANSGAQSGDGEYLKG-TEEEGS-	
Sacof_SYT1	(203)	GTSSGAQSGDGEYLKAGTEEEGS-	
Allce_SYT2	(187)	TANDDLDPAAANPRSEDAKSS--	
Lacse_SYT2	(178)	G-----GPEEAK-	
Horvu_SYT2	(171)	S-----TGADNDGGSGLADQS--	
Brana_SYT2	(202)	ADGQG-----KDDGK-	
Sacof_SYT2	(176)	S-----TGGDNDGGSD-----	
Triae_SYT2	(170)	S-----TGADNDGGSGWADQS--	
Maldo_SYT2	(189)	-DGQG--TSAGGRGTG-DGEDGK-	
Goshi_SYT2	(195)	--GQG--STTGHHGGGDGADEAK-	
Glyso_SYT2	(191)	GDGQG--SSAAAHNSGDG-EEAK-	
Glyma_SYT2	(194)	GDGQG--SSAAAHNSGDG-EEAK-	
Eupes_SYT2	(183)	GDGQG-----NSGGDGAEDGK-	
Arath_SYT2	(186)	ADGQG-----KDDGK-	
Citsi_SYT2	(193)	ADGQG--SSAGGHGG--DGEAK-	
Zeama_SYT2	(173)	S-----TGGD-DGGS-----	
Orysa_SYT2	(170)	S-----TGTENDGGSDFGDQS--	
Soltu_SYT2	(207)	SGHGG-DGGENLYLKS--SEDGN-	
Medtr_SYT2	(191)	GDGQGT-SAAAAHNSGDASEEGK-	
Sorbi_SYT3	(198)	TT-----TGADSEAGGDVAEKS--	
Zeama_SYT3	(204)	SA-----TGADTEAGGDVAEKS--	
Bradi_SYT3	(189)	S-----TGADHEAGGDVAEQS--	
Triae_SYT3	(186)	N-----AGAEVVG-ADVAEQS--	
Sacof_SYT3	(197)	TT-----TGADSEAGGDVAEKS--	
Panvi_SYT3	(191)	ST-----TAADHDVGTDVAEKS--	
Orysa_SYT3	(190)	S-----AGADNDAGGDTAEKS--	
Arath_SYT3	(203)	ADGQGG-S-AARHGGGDAKTEGK-	
Consenso	(301)	TG Y G AEDG	

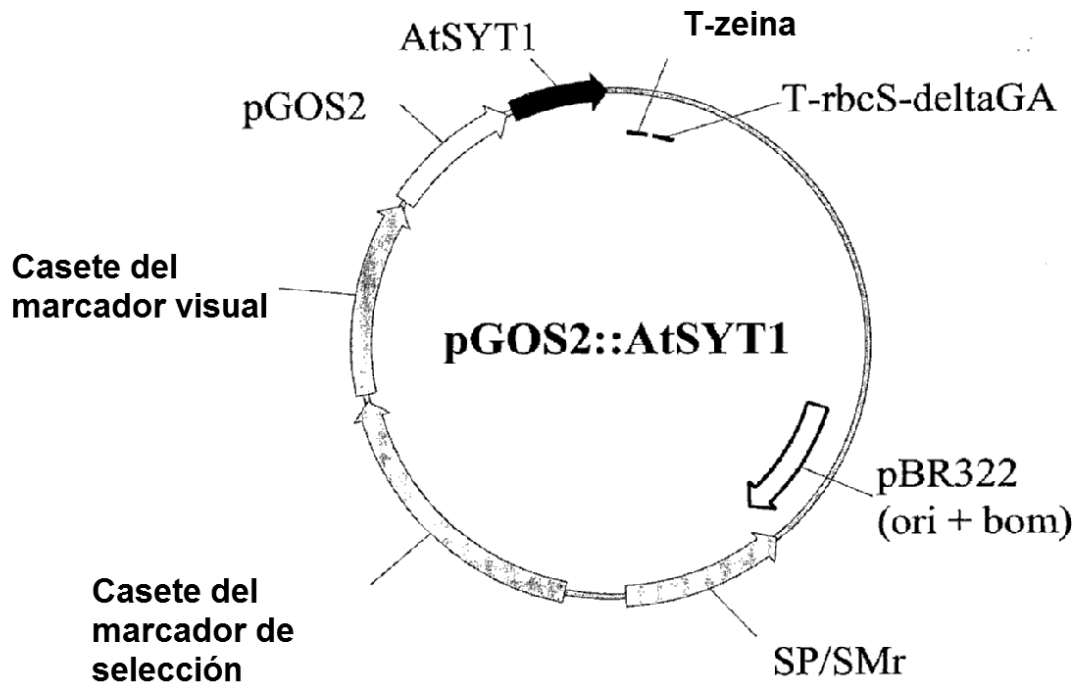
**FIGURA 3 (continuación)**



10/31

FIGURA 4





**FIGURA 5**

**SEC ID N°: 56, promotor GOS2 de arroz**

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT  
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAACTCATCCACCTACT  
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCTTAGTAATTAAGT  
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG  
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACCTTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT

**FIGURA 6**

AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA  
 CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA  
 CTCCATCCCAATTTTTTATTTAGTAATTAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTATCTTTTTTCG  
 ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGTCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT  
 ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC  
 TGAATTC AAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT  
 ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAAC TATTTAGGTTTTTACATACAAAAAAGAAAT  
 TTGCTCGTGCAGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCACA  
 GAACAACCCACAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAAACAGCAG  
 GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA  
 ATTCCTCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAG  
 GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCTTCTCGATCCATATCTCCGGTTCGAGTTCTTGGT  
 CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT  
 ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC  
 TGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCCGGTTGATTAGTAGT  
 ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCAT  
 TTGTGAGTACCTTTTGTGTTGAGGTAATAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTGGTGTAAATAAGTAC  
 GGTGTTTGGTCCCTCGATTCTGGTAGTGTGCTTCTCGA TTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC  
 CCTATTGAACAAAAATAATCCAAC TTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATGATTCTT  
 AAGCCTGTCCAAAATTTTCGAGCTGGCTTGT TTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA  
 AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCAGAAATTT  
 TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTT CAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG  
 CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTT CAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA  
 AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTT TAAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT  
 CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTT CATPATCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA  
 CTGTCTCAATTTTGT TTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGT  
 AGAAGTTTCTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG  
 GGATAGTTATACTGCTTGTCTTATGATT CATTTCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT  
 TTCACCAGCAAAGTTC

**SEC ID N°: 57, dominio SNH de polipéptidos similar a SYT**

IQ(Q/K)XL(D/E)(E/D)N(K/N)XLIX(C/A/K)I(L/V/M)(E/D/S)(S/N)(Q/L)NXG(K  
 /R)XXEC(A/E/S)XXQ(A/S/Q)XL(Q/H)XNL(M/L/V)YLA(A/T)IAD

En la que X es cualquier aminoácido

**SEC ID N°: 58, dominio SNH de AtSYT1 de *Arabidopsis thaliana***

IQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSCEAENQARLQRNLMYLAAIAD

**SEC ID N°: 59, ADNc de AtSYT1 de *Arabidopsis thaliana* (AY102639)**

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCTGGTTACTACCCAGCAATGTTACCTCT  
 GATCATATCCAACAGTACTTGGACGAAAACAAATCGTTGATTCTGAAGATTGTTGAGTCTCAAAC  
 TCTGGAAAGCTTAGCGAATGCGCCGAGAATCAAGCAAGGCTTCAACGCAACCTAATGTACCTAGCT  
 GCAATAGCAGATTCTCAGCCTCAGCCACCAAGTGTGCATAGCCAGTATGGATCTGCTGGTGGTGGG  
 ATGATT CAGGGAGAAGGAGGGT CACACTATTTGCAGCAGCAACAAGCGACTCAACAGCAACAGATG  
 ACTCAGCAGTCTCTAATGGCGGCTCGATCTCAATGTTGTATGCTCAGCAACAGCAGCAGCAGCAG  
 CCTTACGCGACGCTTCAGCATCAGCAATTGCACCATAGCCAGCTTGGAAATGAGCTCGAGCAGCGGA  
 GGAGGAGGAAGCAGTGGTCTCCATATCCTT CAGGGAGAGGCTGGTGGGTTTCATGATTTTGGCCGT  
 GGGAAAGCCGAAATGGGAAGTGGTGGTGGCGGTGAAGGCAGAGGAGGAAGTTCAGGGGATGGTGGGA  
 GAAACCTTTACTTGAATCATCAGATGATGGGAATTGA

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 60, polipéptido AtSYT1 de *Arabidopsis thaliana***

MQOHLMQMPMAGYYPNSVTSDHIOQYLDENKSLILKIVESQNSGKLECAENQARLQRNLMYLA  
AIADSQPQPPSVHSQYGSAGGGMIQEGGSHYLQOQQATQOQQMTQOQLMAARS SMLYAQOQQOQQ  
PYATLQHQQLHHSQLGMSSSSGGGGSSGLHILQGEAGGFHDFGRGKPEMGS GGGGEGRGGSSGDGG  
ETLYLKSSDDGN

**SEC ID N°: 61, ADNc de AtSYT2 de *Arabidopsis thaliana* (AY102640)**

ATGCAGCAGCAGCAGTCTCCGCAAAATGTTCCGATGGTTCCGTCGATTCCCCCTGCTAACCAACATC  
ACTACCGAACAGATCCAAAAGTACCTTGATGAGAACAAAGAAGCTGATTATGGCCATCATGGAAAAC  
CAGAATCTCGGTAAACTTGCTGAGTGCGCCAGTACCAAGCTCTTCTCCAGAAGAAGCTTGATGTAT  
CTTGCTGCAATTGCTGATGCTCAACCCCCACCACCTACGCCAGGACCTTCACCATCTACAGCTGTC  
GCTGCCCAGATGGCAACACCGCATCTGGGATGCAACCACCTAGCTACTTCATGCAACACCCACAA  
GCATCCCCCTGCAGGGATTTTCGCTCCAAGGGTCTTTTACAGTTTGGTAGCCACTCCAGTTTCAG  
GATCCGCAACAGCAGCAGCAGATACATCAGCAAGCTATGCAAGGACACATGGGGATTAGACCAATG  
GGTATGACCAACAACGGGATGCAGCATGCGATGCAACAACAGAAACCGGTCTTGAGGAAACGTG  
GGGCTTAGAGGAGGAAAGCAAGATGGAGCAGATGGACAAGGAAAAGATGATGGCAAGTGA

**SEC ID N°: 62, polipéptido AtSYT2 de *Arabidopsis thaliana***

MQOQQSPQMFPMVPSIPPANNITTEQIQKYLDENKKLIMAIMENQNLGKLAECAQYQALLQKNLMY  
LAAIADAQPPPTPGPSPSTAVAAQMATPHSGMQPPSYFMQHPQASPAGIFAPRGPLQFGSPLQFQ  
DPQOQQQIHQQAMQGHMGI RMPGMTNNGMQHAMQQPETGLGNNVGLRGGKQDGADGQKDDGK

**SEC ID N°: 63, ADNc de AtSYT3 de *Arabidopsis thaliana* (AY102641)**

ATGCAGCAATCTCCACAGATGATTCCGATGGTTCTTCTTCATTTCGCCCCACCAATAATATCACC  
ACCGAACAGATCCAAAAGTATCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATAATGGCGATCTTGGAATAATCAG  
AACCTCGGTAAACTTGCAAGATGTGCTCAGTATCAAGCTCTTCTCCAGAAGAATTTGATGTATCTC  
GCTGCAATTGCGGATGCTCAACCTCAGCCACCAGCAGCTACACTAACATCAGGAGCCATGACTCCC  
CAAGCAATGGCTCCTAATCCGTCATCAATGCAGCCACCACCAAGCTACTTCATGCAGCAACATCAA  
GCTGTGGGAATGGCTCAACAAATACCTCCTGGGATTTCCCTCCTAGAGGTCCATTGCAATTTGGT  
AGCCCGCATCAGTTTCTGGATCCGCAAGCAACAGTTACATCAACAAGCTATGCAAGGGCACATGGGG  
ATTAGACCAATGGGTTTGAATAATAACAACGGACTGCAACATCAAATGCACCACCATGAAACTGCT  
CTTGCCGCAACAATGCGGGTCTAACGATGCTAGTGGAGGAGGTAAACCGGATGGGACCAATATG  
AGCCAGAGTGGAGCTGATGGGCAAGGTGGCTCAGCCGCTAGACATGGCGGTGGTGTATGCAAAAAT  
GAAGGAAAATGA

**SEC ID N°: 64, POLIPÉPTIDO ATSYT3 de *Arabidopsis thaliana***

MQQSPQMI PMVLPSPFPPTNNITTEQIQKYLDENKKLIMAIL ENQNLGKLAECAQYQALLQKNLMYL  
AAIADAQPPPAATLTSGAMTPQAMAPNPSSMQPPPSYFMQHQAVGMAQQIPPGIFPPRGPLQFG  
SPHQFLDPQQQLHQAMQGHMGI RMPMLNNNGLQHQMHHEHALAANNAGPNDASGGGKPDGTNM  
SQSGADGQGGSAARHGGDAKTEGK

**SEC ID N°: 65, ADNc de SYT de *Aspergillus officinalis* (CV287542)**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAACCTACGGTTCACCGAATCAGGTACC  
ACCGATATCATTACAGCAGTATCTGGACGAGAACAAGCAGTTGATTCTGGCTATTCTTGAAAACCAA  
AATTCAGGAAAAGCTGATGAATGTGCTGAGAATCAGGCTAAGCTTCAGAGGAATCTGATGTATCTT  
GCAGCCATTGCGGATAGCCAGCCCCAAGTTTCTACCATGCTCAGTATCCTCCCAACGCTGTTGCT  
GCTATGCAATCGAGTGCTCGCTACATGCAACAACACCAAGCAGCTCAACAGATGACCCCTCAATCT  
CTCATGGCTGCTCGCTCCTCAATGCTCTACTCACAGTCCCCAATGTCCTGCCTCCAGCAGCAACAG

**FIGURA 6 (continuación)**

CAGCAAGCAGCAATGCATAGCCAGCTCGCCATGAGCTCCGGAGGCAACAACAGCAGCACCGGAGGA  
 TTCACCATTCTTCATGGTGAAGCTAGCATAGGAGGCAATGGCTCAATGAATTCTGGTGGAGTCTTT  
 GGAGATTTTGGACGGAGCAGCGGTGGGAAGCAAGAGACTGGGAGCGAAGGGCACGGGACAGAGACT  
 CCTATGTACCTGAAAGGCTCTGAAGAAGAAGGAAACTGA

**SEC ID N°: 66, polipéptido SYT de *Aspergillus officinalis***

MQQHLMQMQPMMATYGSPNQVTTDIIQQYLDENKQLILAILLENQNSGKADECAENQAKLQRNLMYL  
 AAIADSQPQVPTIAQYPPNAVAAMQSSARYMQQHQAQQMTPQSLMAARSSMLYSQSPMSALQQQQ  
 QQAAMHSQLAMSSGGNNSSTGGFTILHGEASIGGNGSMNSGGVFGDFGRSSGGKQETGSEGHGTET  
 PMYLKGSEEEGN

**SEC ID N°: 67, ADNc de SYT de *Brassica napus* (CD823592)**

ATGCAGCCCATGATGGCTGGTTACTACCCAGCAATGTCACCTCTGATCATATCCAGCAGTACTTG  
 GATGAGAACAAGTCTTTGATTCTGAAGATAGTTGAGTCTCAAACTCAGGAAAGCTCAGCGAGTGT  
 GCCGAGAATCAGGCAAGGCTTCAACGCAACCTCATGTACTTGGCTGCAATAGCAGATTCTCAGCCT  
 CAACCTCCAAGCGTGCATAGCCAGTATGGATCTGCTGGTGGTGGGTTGATTTCAGGGAGAAGGAGCG  
 TCACACTATTTGCAGCAGCAACAGGCGACTCAACAGCAGCAGATGACTCAGCAGTCTCTTATGGCA  
 GCTCGTTCTTCAATGATGTATCAGCAGCAGCAACAGCCTTATGCAACGCTTTCAGCATCAGCAGTTG  
 CACCATAGCCAGCTTGGGATGAGCTCTAGCAGCGGAGGAGGAAGCAGTGGTCTCCATATCCTTCAG  
 GGAGAGGCTGGTGGGTTTTCATGAATTTGGCCGTGGGAAGCCGGAGATGGGAAGTGGTGAAGGCAGG  
 GGTGGAAGCTCAGGGGATGGTGGAGAAACACTCTACTTGAAGTCATCAGATGATGGGAACTGA

**SEC ID N°: 68, polipéptido SYT de *Brassica napus***

MQQHLMQMQPMMAGYYPNSVTSDHIIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMYLA  
 AIADSQPQPPSVHSQYGSAGGLIQEGASHYLQQQATQQQMTQQSLMAARSSMMYQQQQQPYA  
 TLQHQQQLHHSQLGMSSSSGGSSGLHIIQGEAGGFHEFGRGKPEMGSSEGRGSSSGDGGETLYLKS  
 SDDGN

**SEC ID N°: 69, ADNc de SYT de *Citrus sinensis* (CB290588)**

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCAGCTTATPATCCCAACAACGTCACTACT  
 GACCACATTC AACAGTATCTAGATGAGAACAATCATTGATTTTGAAGATTGTTGAGAGCCAGAAT  
 TCAGGGAACTGAGCGAGTGTGCAGAGAACCAGGCAAGATTGCAGCGGAATCTCATGTACCTGGCT  
 GCTATTGCTGATGCTCAACCCCAACCACCTAGCGTTCATGCCAGTCTCTTCTGGTGGCATTATG  
 CAGCCAGGAGCTCACTATATGCAACACCAGCAATCTCAGCCAATGACACCACAGTCACTTATGGCT  
 GCACGCTCATCCATGGTGTACTCTCAACAGCAATTTTTCAGTGCTTCAGCAACAGCAAGCCTTGCAT  
 GGTGAGCTTGGCATGAGCTCTGGTGGTAGCTCAGGACTTCACATGCTGCAAAGTGAGGGTAGTACT  
 GCAGGAGGTAGTGGTTCACCTGGGGGTGGGGGATTCCTGATTTTGGCCGTGGCTCATCTGGTGAA  
 GGCTTGCATCAAGGGGAATGGGGAGCAAGCATGATATAGGCAGTTCTGGATCTGCTGAAGGACGA  
 GGAGGGAGCTCAGGAAGCCAAGATGGAGGCGAACTCTCTACTTGAAAGGGGCTGATGATGGAAAT  
 TAA

**SEC ID N°: 70, polipéptido SYT de *Citrus sinensis***

MQQHLMQMQPMMAYYPNNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMYLA  
 AIADAQPQPPSVHAQFSSGGIMQPGAHYMQHQQSQPMTQPSLMAARSSMVYSQQQFVVLQQQALH  
 GQLGMSSSGSSGLHMLQSEGSTAGGSGSLGGGFPDFGRGSSGEGLHSRGMGSKHDIGSSGSAEGR  
 GGSSGSQDGGETLYLKGADDG

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 71, ADNc de SYT de *Gossypium arboreum* (BM359324)**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCAGCTTATTATCCCAACAACGTCCTACT  
 GATCATATTCAACAGTATCTCGATGAGAACAAGTCATTGATCTTAAAGATTGTTGAGAGCCAGAAT  
 TCTGGGAAATTGAGTGAATGTGCTGAGAACAAGCAAGGCTGCAGCGAAACCTCATGTACCTGGCT  
 GCCATTGCGGATTCTCAACCCCAACCCCAACCGTGCATGCACAGTTTCCATCTGGTGGTATCATG  
 CAGCAAGGAGCTGGGCACTACATGCAGCACCAACAAGCTCAACANATGACACAACAGTCGCTTATG  
 GCTGCTCGGTCTCAATGTTGATTTCTCAGCAACCATTTTCTGCACTGCAACAACAACAACAACA  
 GGCTTTGCACAGTCAGCTTGGCATGAGCTCTGGCGGGAGCACAGGCCTTTCATATGCTGCAAACG  
 AATCTAGTACTGCAGGGGGCAGTGAGACACCTTGGGCCCGAGGGTTGTCCTGATTTGGACGGGGG  
 CTTTTGGAGAGGCATCCCTGGTGGCAGGCCAATGGCCGGGGGAACAACCAAAAATCCGGGGAGGCC  
 GGCTCACCTAAGGGCCGGGAGGAGCCCTTGGGGCAGGGGGGGGTGATGGGGGGAACCTCTTCTAA

**SEC ID N°: 72, polipéptido SYT de *Gossypium arboreum***

MQQHLMQMPMAAAYYPNNVTTDHIQOYL DENKSLILKIVESQNSGKLECAENQARLQRNLMYLA  
 AIADSQPQPPTVHAQFSPGGIMQGGAGHYMQHQQAQXMTQQSLMAARSSMLYSQQPFSALQQQQQ  
 GFAQSAWHELWREHRPFI CCKLNLVLQGA VRHLGPEGPCDL DGGLLERHPWWQANRGNNOKSGEA  
 GSPKGREPLGQGGVMGGTSS

**SEC ID N°: 73, ADNc de SYT de *Medicago trunculata* (CA858507)**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCAGCTTACTATCCTAACCAACGTCCTACT  
 GATCATATTCAACAGTATCTTGATGAGAACAAGTCCTTGATCTCAAGATTGTTGAAAGCCAGAAC  
 ACTGGCAAGCTCACCGAGTGTGCTGAGAACAATCAAGGCTT CAGAGAAATCTCATGTACCTAGCT  
 GCAATAGCTGATTCTCAACCCCAACCACTACTATGCCTGGCCAGTACCCTTCAAGTGGAAATGATG  
 CAGCAGGGAGGACACTACATGCAGGCTCAACAAGCTCAGCAGATGACACAACAACAATTAATGGCT  
 GCACGTTCTCTCTTATGTATGCTCAACAGCTTCAACAGCAGCAAGCCTTGCAAAGCCAACCTGGT  
 ATGAATCCAGTGGAAAGTCAAGGCCTTCAATGTTGCATAGTGAAGGGGCTAATGTTGGAGGCAAT  
 TCATCTCTAGGGGCTGGTTTTCTGATTTTGGCCG TAGCTCAGCCGGTGATGGTTTGCACGGCAGT  
 GGTAAGCAAGACATTGGAAGCACTGATGGCCGCGGTGGAAGCTCTAGTGGTCACTCTGGTGTATGGC  
 GGCGAAACACTTTACCTGAAATCTTCTGGTGTATGGGAATTAG

**SEC ID N°: 74, polipéptido SYT de *Medicago trunculata***

MQQHLMQMPMAAAYYPNNVTTDHIQOYL DENKSLILKIVESQNTGKLTECAENQSR LQRNLMYLA  
 AIADSQPQPPTMPGQYPSSGMMQGGHYMQAQAQOMTQQQLMAARSSLMYAQQ LQQQALQSQLG  
 MNSSGSQGLHMLHSEGANVGGNSSLGAGFPDFGRSSAGDGLHSGKQD IGS TDGRGSSSGHSGDG  
 GETLYLKSSGDGN

**SEC ID N°: 75, ADNc de SYT1 de *Oryza sativa* (AK058575)**

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGGGCATGATGGGGGATATGCTTCCCCTACCACC  
 GTCACCACCTGATCTCATTCAGCAGTATCTGGATGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCTTGAC  
 AACCGAACAATGGGAAGGTGGAAGAGTGCCTCGGAACCAAGCTAAGCTCCAGCACAATCTCATG  
 TACCTCGCCGCATCGCCGACAGCCAGCCGCGCAGACGGCCGATGTPCCAGTATCCGTGCAAC  
 CTGATGATGCAGTCCGGGGCGAGGTACATGCCGCGAGCAGTCGGCGCAGATGATGGCGCCGAGTCG  
 CTGATGGCGGCGAGGTCTTCGATGATGTACGCGCAGCCGGCGCTGTGCGCGCTCCAGCAGCAGCAG  
 CAGCAGCAGGGCGGCGGCGCACGGGCAGCTGGGCATGGGCTCGGGGGCACCACCAGCGGGTTTC  
 AGCATCCTCCACGGCGAGGCCAGCATGGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGTGGCGCCGTTAACAGCATG  
 ATGAACGCCGGCGTGTCTCCGACTTCGGACGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCAAGGAGGGGTCCACC  
 TCGCTGTCCGTGACGTCGGGGCGCCA ACTCCGGCGCCAGAGCGGCGACGGGGAGTACCTCAAG  
 GCACCGAGGAGGAAGGCAGCTAG

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 76, polipéptido SYT1 de *Oryza sativa***

mqqqhlmqmngmmgyaspttvtdliqqylidenkqlilaildnqngkveecarnqaklqhnlm  
ylaaiadsqppqtaamsqypsnlmmqsgarympqgsaqmmapqslmaarsmmyaqpalsplqggq  
qqqaaaahgqlgmgsqgtsqfslhgeasmggggggggagnsmmnagvfsdfgrggggggkegst  
slsvdvrkansgaqsgdgyylkgteeegs

**SEC ID N°: 77, ADNc de SYT2 de *Oryza sativa* (AK105366)**

ATGCAGCAGCAGCCGATGCCGATGCCCGCGCAGGCGCCCGCCGACGGCCGGAATCACCACCGAGCAG  
ATCCAAAAGTATCTGGATGAAAAAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGGAAAATCAGAATCTGGGA  
AAGTTGGCAGAATGTGCTCAGTATCAAGCGCAGCTTCAGAAGAATCTCTTGTACTTGGCTGCAATT  
GCTGATACTCAACCGCAGACCACTATAAGCCGTCCCCAGATGGTGGCCGATGGTGCATCGCCGGGG  
TTAGGGGGGCAATACATGTTCGAGGTGCCAATGTTCCCCCCCAGGACCCCTCTAACGCCCCAGCAG  
ATGCAGGAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCAAGCCCAGCTGCTCTCGTTCGGCGGTGAGATGGTTATG  
AGGCCTGGCGTTGTGAATGGCATTCTCAGCTTCTGCAAGGCGAAATGCACCGCGGAGCAGATCAC  
CAGAACGCTGGCGGGGCCACCTCGGAGCCTTCCGAGAGCCACAGGAGCACCGGCACCGAAAATGAC  
GGTGAAGCGACTTCGGCGATCAATCCTAA

**SEC ID N°: 78, polipéptido SYT2 de *Oryza sativa***

MQQQPMPMPAQAPPTAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLYLAAI  
ADTQPQTISRPMVPHGASPLGGQYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQLQQQAQLLSFGGQVMV  
RPGVVNGIPQLLQGEMHRGADHQNAGGATSEPSSESHRSTGTENDGGSDFGDQS

**SEC ID N°: 79, ADNc de SYT3 de *Oryza sativa* (BP185008)**

ATGCAGCAGCAGATGGCCATGCCGGCGGGGGCCCGCCCGCGCGGTGCCGCGGGCGGCGGCATC  
ACCACCGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGATGAAAATAAACAGCTAATTTTGGCCATCCTGGAAAAT  
CAAAACCTAGGGAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAGAATCTCTTGTAT  
CTGGCTGCCATTGCAGATGCCCAACCACCTCAGAATCCAGGAAGTCGCCCTCAGATGATGCAGCCT  
GGTGCTACCCAGGTGCTGGGCATTACATGTCCCAAGTACCGATGTTCCCTCCAAGAACTCCCTTA  
ACCCACAACAGATGCAAGAGCAGCAGCAGCAGCAACTCCAGCAACAGCAAGCTCAGGCTCTAGCC  
TTCCCGGCCAGATGCTAATGAGACCAGGTACTGTCAATGGCATGCAATCTATCCAGTTGCTGAC  
CCTGCTCGCGCAGCCGATCTTCAGACGGCAGCACCGGGCTCGGTAGATGGCCGAGGAAAACAAGCAG  
GATGCAACCTCGGAGCCTTCCGGGACCGAGAGCCACAAGAGTGCGGGAGCAGATAACGACGCAGGC  
GGTGACATAGCGGAGAAGTCTGA

**SEC ID N°: 80, polipéptido SYT3 de *Oryza sativa***

MQQQMAMPAGAAAAVPPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLY  
LAAIADAQPPQNPGRPQMMQPGATPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQQQLQQQAQALA  
FPGQMLMRPQTVNGMQSIPVADPARAADLQTAAPGSVDGRGNKQDATSEPSGTESHSKAGADNDAG  
GDIAEKS

**SEC ID N°: 81, ADNc de SYT de *SOLANUM TUBEROSUM* (BG590990)**

ATGCAGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCCTATTATCCCAACAATGTCACT  
ACTGATCATATTCACAGTTCCTGGATGAGAACAATCACTTATCTGAAGATTGTTGAGAGCCAG  
AACTCTGGGAAAATAAGTGAATGTGCAGAGTCCCAAGCTAAACTTCAGAGAAATCTTATGTACCTT  
GCAGCTATTGCTGATTCACAGCCCCAGCCTCCTAGTATGCATTACAGTTAGCTTCTGGTGGGATG  
ATGCAGGGAGGGGCACATTATATGCAGCAACAACAAGCTCAACAACCTCAACAACGCAATCGCTTATG  
GCTGCAGCAAGATCCTCCTCCTCAATGCTCTATGGACAACAACAACAACAACAACAACAACA  
TCATCATTGCAACAACAGCAAGCAGCCTTTCATAGCCAGCAACTCGGAATGAGCAGCTCTGGTGGGA  
GGAAGCAGTAGGACTTCACATGCTACAAAGCGAAAACACTCATAGTGTAGCACTGGTGGTGGG  
TGGTTTCCCTGA

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 82, polipéptido SYT de *Solanum tuberosum***

MQQQHLMQMMPMAAYYPNNVTTDHIQQFLDENKSLILKIVESQNSGKISECAESQAKLQRNLMYL  
AAIADSQPQPSPMHSQLASGGMMQGGAHYMQQQQAQQLTQSLMAAARSSSSMLYGQQQQQQQQQL  
SSLQQQQAAFHSQQLGMSSSSGGSSSGLHMLQSENTHSASTGGGWFP

**SEC ID N°: 83, ADNc de SYT1 de *Zea mays* (BG874129.1, CA409022.1; compilado)**

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGAACATGATGGGGGGCTACACCTCTCCTGCCGCC  
GTGACCACCGATCTCATCCAGCAGCACCTGGACGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCTCGAC  
AACCAGAACAATGGCAAGGCGGAGGAGTGCGAACGGCACCAAGCTAAGCTCCAGCACAACCTCATG  
TACCTGGCCGCCATCGCTGACAGCCAGCCGCCACAGACCCGCGCCACTATCACAGTACCCGTCCAAC  
CTGATGATGCAGCCGGGCCCTCGGTACATGCCACCCGAGTCCGGGCAGATGATGAACCCGCGAGTGG  
CTGATGGCGGCGCGGTCTCCTCATGATGTACGCGCACCCGTCCCTGTGCGCCACTCCAGCAGCAGCAG  
GCGGCGCACGGACAGCTGGGTATGGCTCCAGGGGGCGGCGGTGGCGGCACGACCAGCGGGTTTCAGC  
ATCCTCCACGGCGAGGCCAGCATGGGCGGTGGTGGTGGTGGTGGCGCAGGCGCCGGCAACAACATGATG  
AACGCCGGCATGTTCTCGGGCTTTGGCCGAGCGGCAGTGGCGCCAAGGAAGGGTCGACCTCTCTG  
TCGGTTGACGTCCGGGGTGGAACCAGCTCCGGCGCGCAGAGCGGGGACGGCGAGTACCTCAAAGTC  
GGCACCGAGGAAGAAGGCAGTTAG

**SEC ID N°: 84, polipéptido SYT1 de *Zea mays***

mqqqhlmqmnmqnggytspaavttldliqqhldenklilaildnqngkaeecerhqaklqhnlm  
YLAAIADSQPQTAPLSQYPSNLMMQPGPRYMPPQSGQMMNPQSLMAARSSMMYAHPSLSPLQQQQ  
AAHQQLGMAPGGGGGGTTSGFSLHGEASMGGGGAGAGAGNNMMNAGMFSGFGRSVSGAKEGSTSL  
SVDVRRGTTSSGAQSGDGEYLVKVGTEEEGS

**SEC ID N°: 85, ADNc de SYT2 de *Zea mays* (AY106697)**

ATGCAGCAGCCGATGCACATGCAGCCACAGGCGCCGGCGATAACCCAGCTGCCGGAATCAGCAGC  
GAGCAGATCCAAAAGTATCTGGATGAGAATAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGGAAAATCAGAAC  
CTAGGAAAAATTGGCAGAATGTGCTCAGTATCAATCACAACCTCAGAAGAACCTCTTGTATCTCGCT  
GCAATCGCAGATGCTCAACCGCAGACTGCTGTAAGCCGCCCTCAGATGGCGCCGCCTGGTGGATCG  
CCTGGAGTAGGGCAGTACATGTCACAGGTGCCATGTTCCACCGAGGACACCTCTTACACCCAG  
CAGATGCAGGAGCAGCAGCTTCAGCAGCAGCAGGCTCAGTTGCTAAACTTCAGTGGCCAAATGGTT  
GCTAGACCAGGCATGGTCAACGGCATGGCTCAGTCCATGCAAGCTCAGCTACCACCGGGTGTGAAC  
AAGCAGGATGCTGGTGGGGTGCCTCTGAGCCCTCGGGCACCGAGAGCCACAGGAGCACTGGTGGT  
GACGATGGTGGAAGCGACTAG

**SEC ID N°: 86, polipéptido SYT2 de *Zea mays***

MQQPMHMQPQAPAITPAAGISTEQIQKYLDENKQLILAILENQNLGKLAECAQYQSOLQKNLLYLA  
AIADAQPQTAVSRPQMAPPGGSPGVGQYMSQVPMFPRTPLTPQQMQEQQLQQQQAQLLNFSQMV  
ARPGMVNGMAQSMQAQLPPGVNKQDAGGVASEPSGTESHRSTGGDDGGSD

**SEC ID N°: 87, ADNc de *Homo sapiens* (CR542103)**

ATGGGCGGCAACATGTCTGTGGCTTTTCGCGGCCCGGAGGCAGCGAGGCAAGGGGGAGATCACTCCC  
GCTGCGATTCAGAAGATGTTGGATGACAATAACCATCTTATTCAGTGTATAATGGACTCTCAGAAT  
AAAGGAAAGACCTCAGAGTGTCTCAGTATCAGCAGATGTTGCACACAAACTTGGTATACTTGCT  
ACAATAGCAGATTCTAATCAAAATATGCAGTCTCTTTTACCAGCACCACCCACACAGAATATGCCT  
ATGGGTCTTGAGGGATGAATCAGAGCGGCCCTCCCCACCTCCACGCTCTCACAAATATGCCTTCA  
GATGGAATGGTAGGTGGGGTCTCCTGCAACCGCACATGCAGAACCAGATGAACGGCCAGATGCCT

**FIGURA 6 (continuación)**



GGGCCTAACCATATGCCTATGCAGGGACCTGGACCCAATCAACTCAATATGACAAACAGTTCCATG  
 AATATGCCTTCAAGTAGCCATGGATCCATGGGAGGTTACAACCATTTCTGTGCCATCATCACAGAGC  
 ATGCCAGTACAGAAATCAGATGACAATGAGTCAGGGACAACCAATGGGAAACTATGGTCCCAGACCA  
 AATATGAGTATGCAGCCAAACCAAGGTCCAATGATGCATCAGCAGCCTCCTTCTCAGCAATACAAT  
 ATGCCACAGGGAGGCGGACAGCATTACCAAGGACAGCAGCCACCTATGGGAATGATGGGTCAAGTT  
 AACCAAGGCAATCATATGATGGGTGAGAGACAGATTCCTCCCTATAGACCTCCTCAACAGGGCCCA  
 CCACAGCAGTACTCAGGCCAGGAAGACTATTACGGGGACCAATACAGTCATGGTGGACAAGGTCTT  
 CCAGAAGGCATGAACCAGCAATATTACCCTGATGGAAATTCACAGTATGGCCAACAGCAAGATGCA  
 TACCAGGGACCACCTCCACAACAGGGATATCCACCCAGCAGCAGCAGTACCAGGGCAGCAAGGT  
 TACCCAGGACAGCAGCAGGGCTACGGTCTTACAGGGTGGTCCAGGTCTCAGTATCCTAACTAC  
 CCACAGGGACAAGGTGAGCAGTATGGAGGATATAGACCAACACAGCCTGGACCACCACAGCCACCC  
 CAGCAGAGGCCTTATGGATATGACCAGGGACAGTATGGAAATTACCAGCAG

**SEC ID N°: 88, polipéptido SYT de *Homo sapiens* (CAG4690.1)**

MGGNMSVAFAPRQRGKGEITPAAIQKMLDDNNHLIQCIMDSQNKGKTSECSQYQQLHTNLVYLA  
 TIADSNQNMQLLPAPPTQNMMPGPGGMNQSGPPPPRSHNMPDGMVGGPPAPHMNQNMNGQMP  
 GPNHMPMQGPGFNQLNMTNSSMNPSSSHGSMGGYNHNSVPSSQSMPVQNMQMSQGPMPGNYGPRP  
 NMSMQPNQGPMMHQPPSQYQNMPPQGGGQHYQGGQPPMGMQVNVQGNHMMGQRQIPYRPPQQGP  
 PQQYSGQEDYDQYSHGGQPPPEGMNQOYYPDGNQYQOQDAYQGGPPQOQYPPQOQOYPGQOQ  
 YPGQOQGYGPSQGGPQYPNYPQOQOQOYGGYRPTQPGPPQPPQORPYGYDQOYGNYYOQ

**SEC ID N°: 89, ADNc de SYT2 de *Allium cepa* CF437485**

ATGCAGCAGCCCGCAGCCAGCGATGGGAACCATGGGCTCGGTGCCACCTACTAGCATCACCAACCGAA  
 CAGATTCAAAGGTAATGGATGAGAACAACAGTTAATATTGGCAATTTGGATAATCAAATTTA  
 GGAAGACTGAATGAGTGTGCTCAATATCAAGCTCAGCTTCAAAGAATCTGCTTTACCTGGCAGCA  
 ATAGCTGATGCTCAGCCTCAGTCTCCTGCGGTGCGTCTGCAGATGATGCCTCAAGGTGCAGCTGCC  
 ACGCCTCAAGCTGGAAACCAATTTATGCAGCAGCAGAGCCCTAATTTCCCTCCCAAACAGGAATG  
 CAATTTACTCCTCAAACAAGTACAAGAATTGCAGCAGCAACAGCTACAACATCAGCCACATATGATG  
 CCTCCATTTCAAAGGTCAAATGGGTATGAGACCTATGAATGGAATGCAGGCAGCAATGCATGCAGAT  
 TCATCTCTTGCTTATAACACTAACAATAAGCAAGATGCAGGAAACGCAGCTTATGAAAATACTGCT  
 GCCAACACAGATGGTTCATTTCAAAGAAAACAGCAAATGATGATTTAGACCCTTCTGCAGCAAAC  
 CCTAGAAGGTCTGAAGATGCCAAATCATCATGA

**SEC ID N°: 90, polipéptido SYT2 de *Allium cepa***

MQQPQPAMGTMGVSVPPTSITTEQIQRYLDENKQLILAILDNQNLGRLNECAQYQAQLQKNLLYLAA  
 IADAQPQSPAVRLQMMPPQGAATPQAGNQFMQOQSPNFPKTMQFTPQQVQELQOQQLQHQPMM  
 PPFQGMGMRPMNGMQAAMHADSSLAYNTNNKQDAGNAAYENTAANTDGSIQKKTANDDLDP  
 PRRSEDAKSS

**SEC ID N°: 91, ADNc de SYT1 de *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens* DT758802.1**

ATGCAACACATGCAGATGCAGCCCATGATGCCACCTTATAGTGCCAACAGCGTCACTACTGATCAT  
 ATCCAACAGTACTTGGATGAAAATAAGGCGTTGATTTCTGAAGATACTTGAGAACCAAATTCGGGA  
 AAAGTTAGTGAATGTGCAGAGAACCAAGCAAGACTTCAACGAAATCTTATGTATCTGGCTGCAATT  
 GCTGATTTCTCAACCACAGCCTCCCAATATGCATGCTCAGTACTCTAATGCGGGTATACCACCTGGT  
 GCACATTACCTACAACACCAACAGGCCCAACAGATGACACAACAGTCGCTCATGGCTGCTCGATCA  
 AATATGCTGTATGCTCAGCCAATCACAGGAATGCAGCAACAGCAAGCAATGCATAGCCAGCTTGGC

**FIGURA 6 (continuación)**

ATGAGCTCTGGTGGTAAACAGTGGACTCCACATGATGCACAATGAGGGCAGCATGGGAGGTAGTGGG  
GCACCTTGGAAAGCTATTCTGATTATGGCCGTGGCAGTGGTGGTGGAGTAACTATCGCTAGCAAAACAA  
GATGGTGGAAAGTGGTTCTGGTGAAGGACGAGGTGGAAACTCTGGAGGCCAAAGTGCAGATGGAGGT  
GAATCTCTTTACCTGAAAAACAGTGACGAAGGGAATAA

**SEC ID N°: 92, polipéptido SYT1 de *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens***

MQHMQMPPMPPYSANSVTTDHIQQYL DENKALILKILENQN S GKVSECAENQARLQRNL MYLAAI  
ADSQPQPPNMHAQYSNAGIPPGAHYLQHQAQQMTQQSLMAARSNMLYAQPITGMQQQQAMHSQLG  
MSSGGNSGLHMMHNEGSMGGSGALGSYSDYGRGSGGGVTIASKQDGGSGSGEGRGGNSGGQSADGG  
ESLYLKN SDEGN

**SEC ID N°: 93, ADNc de SYT3 de *Brachypodium distachyon* DV480064.1**

ATGCAGCAGGCGATGTCCATGTCCCCGGGGTCCGCCGGCGCGGTGCCGCCTCCGGCCGGCATCACC  
ACAGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGATGAAAATAAGCAACTTATTTGGCCATCCTGGAAAATCAG  
AACCTAGGAAAGTTGACTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAGAAGAATCTCTGTATCTG  
GCTGCCATTGCGGATGCCCAACCACCACAGAACCTGGAAGTCCGCCCAGATGGTGCAGCCTGGT  
GGTATGCCAGGTGCAGGGCATTACATGTGCGAAGTACCAATGTTCCCTCCAAGAACCCCTTTAACCC  
CCACAACAGATGCAAGAGCAACAGCACCAGCAGCTTCAGCAGCAGCAAGCACAGGCTCTTGCTTTC  
CCCAGCCAGATGGTCATGAGACCAGGTACTGTGAACGGCATGCAGCCTATGCAAGCTGATCTCCAA  
GCAGCAGCAGCAGCACCTGGCCTGGCAGACAGCCGAGGAAGTAAGCAGGACGCAGCGGTAGCTGGG  
GCCATCTCGGAACCTTCTGGCACCGAGAGTACAAGAGTACAGGAGCGGATCATGAGGCAGGTGGC  
GATGTAGCTGAGCAATCCTAA

**SEC ID N°: 94, polipéptido SYT3 de *Brachypodium distachyon***

MQQAMSMSPGSAGAVPPPAGITTEQIQKYLDENKQLLILAIL ENQNLGKLT ECAQYQAQLQKNLLYL  
AAIADAQPPQNPGRPQMVQPGGMPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQHQQLQQQQAALAF  
PSQMVMRPGTVNGMQPMQADLQAAAAAPGLADSRGSKQDAAVAGAI SEPSGTESHKSTGADHEAGG  
DVAEQS

**SEC ID N°: 95, ADNc de SYT2 de *Brassica napus* CN732814**

ATGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCTCCGCAAATGTTTCCGATGGCTCCTTCGATGCCG  
CCAACTAACATCACCACCGAACAGATCCAAAAGTACCTTGAGGAGAACAGAAGCTGATAATGGCA  
ATCATGAAAATCAGAACTTTGGCAAGCTTTCAGAGTGTGCACAGTACCAAGCTCTTCTCCAGAAG  
AACTTAATGTACCTCGCTGCTATTGCTGATGCTCAACCTCCTCCATCTACCGCTGGAGCTACACCA  
CCACCAGCTATGGCTTCCAGATGGGGGCACCGCATCCTGGGATGCAACCGCCGAGCTACTTTATG  
CAACACCCACAAGCTTCAGGGATGGCTCAACAAGCACCACCGCTGGTATCTTCCCTCCGAGAGGT  
CCTTTGCAGTTTGGTAGCCACACCAGCTTCAGGATCCGCAACAGCAGCATATGCATCAACAGGCT  
ATGCAAGGACACATGGGGATGCGACCAATGGGTATCAACAACAACAATGGGATGCAGCATCAGATG  
CAGCAACAACAACCAGAACTCTCTTGGAGGAAGCGCTGCAACCGTGGGGCTTAGAGGTGGAAAG  
CAAGATGGAGCAGATGGACAAGGAAAAGATGATGGCAAATGA

**SEC ID N°: 96, polipéptido SYT2 de *Brassica napus***

MQQHLMQMPPMAGYYPSNVTS DHIQQYL DENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNL MYLA  
AIADSQPQPPSVHSQYGSAGGGLIQEGASHYLOQQQATQQQQMTQQSLMAARSSMMYQQQQOPYA  
TLQHQQQLHHSQLGMSSSSGGGSSGLHILQGEAGGFHEFGRGKPEMGS EGRGGSSGDGGETLYLKS  
SDDGN

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID Nº: 97, ADNc de SYT2 de *Citrus sinensis* CV717501**

ATGCAGCAGCCACCGCAAATGATCCCTGTTATGCCTTCATTTCCACCCACCAACATCACCACAGAG  
 CAGATTCAAAAGTACCTTGATGAGAACAAAAAGTTGATTTTGGCAATTTTGGACAATCAAAATCTT  
 GGAAAGCTTACAGAATGTGCCCACTATCAAGCTCAGCTTCAAAAGAATTTAATGTATTTAGCTGCA  
 ATTGCTGATGCACAACCAAGCACCAACAATGCCTCCTCAGATGGCTCCACATCCTGCAATGCAA  
 GCTAGTGGGTATTACATGCAACATCCTCAGGCGGCAGCAATGGCTCAGCAACAAGGAATCTTTCCC  
 CAAAAGATGCCATTACAATTCAATAACCCTCATCAACTACAGGATCCTCAACAGCAGCTACACCAA  
 CATCAAGCCATGCAAGCACAAATGGGAATGAGACCGGGTGCCTAACAATGGTATGCATCCCATG  
 CATGCTGAAAGCTCTCTTGGAGGTGGCAGCAGTGGAGGACCCCTTTCAGCATCAGGCCCAGGTGAC  
 ATACGTGGTGGAAATAAGCAAGATGCCTCGGAGGCTGGGACTACTGGTGTGATGGCCAGGGCAGT  
 TCGGCTGGTGGGCATGGTGGGGATGGAGAGGAGGCAAAGTGA

**SEC ID Nº: 98, polipéptido SYT2 de *Citrus sinensis***

MQQPPQMIPVMPSFPPTNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLTECAHYQAQLQKNLMYLAA  
 IADAQPQAPTMPPQMAPHPAMQASGYM QHPQAAAAMAQQQGIFFQKMPLOFNNPHQLQDPQQQLHQ  
 HQAMQAQMGMRPGATNNGMHPMHAESSLGGSSGGPPSASGPGDIRGGNKQDASEAGTTGADGQGS  
 SAGGHGGDGEEAK

**SEC ID Nº: 99, ADNc de SYT2 de *Eufhorbia esula* DV144834**

ATGCAGCAGCAACCGCAGATGATGCCTATGATGCCTTCATATCCACCAGCAAACATTACCACGGAG  
 CAAATCCAAAAGTATCTTGATGAAAATAAAAAATGATTTTGGCGATCTTGGATAATCAAAATCTT  
 GGAAAACCTCGCTGAGTGTGCACAGTATCAAGCCCTGCTGCAAAAAAATCTGATGTATTTAGCCGCA  
 ATTGCTGATGCACAACCCAGACCCACCCATGCCACCTCAGATGTCCCCACATCCGGCTATGCAA  
 CAAGGAGCATATTACATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAGCAGCAATGGCTCATCAGTCGGGTATT  
 TCCCACCAAAGATGTCTCCGTTACAATTCAATAATCCTCATCAAATACAGGACCCCCAGCAGTTA  
 CATCAAGCAGCCCTCCAAGGGCAAATGGGAATGAGGCCCATGGGGCCCAATAACGGGATGCATCCG  
 ATGCACCCCGAGGCAAATCTTGGAGGATCTAATGATGGTTCGTGGAGGAAACAAACAGGATGCTCCG  
 GAGACGGGAGCATCGGGAGGTGATGGGCAAGGCAATCTGGTGGTGTGGGGCTGAAGATGGGAAA  
 TGA

**SEC ID Nº: 100, polipéptido SYT2 de *Eufhorbia esula***

MQQQPQMMPMMPSPYPPANITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQALLQKNLMYLAA  
 IADAQPQTTPMPPQMSPHPAMQQGAYYM QHPQAAAAAMAHQSGIFPPKMSPLQFNNPHQIQDPQQL  
 HQAALQGQMGMRPMGPNNGMHPMHPEANLGGSSNDGRGGNKQDAPETGASGGDGQNSGGDGAEDGK

**SEC ID Nº: 101, ADNc de SYT2 de *Glycine max* BQ612648**

ATGCAGCAGACACCGCCAATGATTCCTATGATGCCTTCTTTCCACCTACGAACATAACCACCGAG  
 CAGATTCAAAAATACCTTGATGAGAACAAAGAAGCTGATTCCTGGCAATATTGGACAATCAAAATCTT  
 GGAAAACCTGCAGAATGTGCCCACTACCAAGCTCAGCTTCAAAAGAATTTGATGTATTTAGCTGCA  
 ATTGCTGATGCCCAGCCTCAAACCCCGGCCATGCCTCCGCAGATGGCACCGCACCCCTGCCATGCAA  
 CCAGGATTCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCTGCAGCAGCAATGGCTCAGCAGCAGCAAGGAATG  
 TTCCCCCAGAAAATGCCATTGCAATTTGGCAATCCACATCAAATGCAGGAACAACAACAGCAGCTA  
 CACCAGCAGGCCATCCAAGGTCAAATGGGACTTAGACCTGGAGATATAAATAATGGCATGCATCCA  
 ATGCACAGTGAAGGCTGCTCTTGGAGGTGGAAACAGCGGTGGTCCACCTTCGGCTACTGGTCCAAAC  
 GATGCACGTGGTGGAAAGCAAGCAAGATGCCTCTGAGGCTGGAAACAGCTGGTGGAGACGGCCAAAGGC  
 AGCTCCGCGGCTGCTCATAACAGTGGAGATGGTGAAGAGGCAAAGTGA

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 102, polipéptido SYT2 de *Glycine max***

MQQTPPMIPMMPSFPPTNITTEQIQKYLDENKLLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYLAA  
IADAQPQTPAMPQMAPHPAMQPGFYMQHPQAAAAAMAQQQQGMFPQKMPLQFGNPHQMQEQQQQ  
HQQAIQGGMGLRPGDINNGMHPMHSEALGGGNSGGPPSATGPNDRGGSKQDASEAGTAGGGDQGQ  
SSAAHNSGDGEEAK

**SEC ID N°: 103, ADNc de SYT2 de *Glycine soya CA799921***

ATGCAGCAGACACCGCCTATGATTCCCTATGATGCCTTCGTTCCCACCTACGAACATAACCACCGAG  
CAGATTCAAAAATACCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATTCTGGCAATATTGGACAATCAAAAATCTT  
GGAAAACCTTGCAAGATGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAGAATTTGATGTATTTAGCTGCA  
ATTGCTGATGCCAGCCTCAAACACCAGCCATGCCTCCACAGATGGCACCACACCCTGCCATGCAA  
CCAGGATCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAGCAGCAATGGCTCAGCAGCAGCAGCAAGGA  
ATGTTCCCCCAGAAAATGCCATTGCAATTTGGCAATCCACATCAAATGCAGGAACAACAGCAGCAG  
CTACACCAGCAAGCCATCCAAGGTCAAATGGGACTGAGACCTGGAGGAATAAATAATGGCATGCA  
CCAATGCACAATGAGGGCGGCAACAGCGGTGGTCCACCCTCGGCTACCGGTCCGAACGACGCACGT  
GGTGAAGCAAGCAAGATGCTTCTGAGGCTGGAACAGCTGGTGGAGATGGCCAAGGCAGCTCTGCA  
GCTGCTCATAACAGTGGAGATGGTGAAGAGGCAAAGTGA

**SEC ID N°: 104, polipéptido SYT2 de *Glycine soya***

MQQTPPMIPMMPSFPPTNITTEQIQKYLDENKLLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYLAA  
IADAQPQTPAMPQMAPHPAMQPGFYMQHPQAAAAAMAQQQQGMFPQKMPLQFGNPHQMQEQQQQ  
LHQQAIQGGMGLRPGGINNGMHPMHNEGGNSGGPPSATGPNDRGGSKQDASEAGTAGGGDQGSSA  
AAHNSGDGEEAK

**SEC ID N°: 105, ADNc de SYT1 de *Gossypium hirsutum DT558852***

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTATTATCCCAACAACGTCCTACT  
GATCATATTCAACAGTATCTCGATGAGAACAAGTCATTGATCTTAAAGATTGTTGAGAGCCAGAAT  
TCTGGGAAATGAGTGAATGTGCTGAGAACCAAGCAAGGCTGCAGCGAAACCTCATGTACCTGGCT  
GCCATTGCGGATTCTCAACCCCAACCACCACCGTGCATGCACAGTTTCCATCTGGTGGTATCATG  
CAGCCAGGAGCTGGGCACTACATGCAGCACCAACAAGCTCAACAAATGACACAACAGTCGCTTATG  
GCTGCTCGTCTCAATGTTGTATTCTCAGCAACCATTTTCTGCACTGCAACAACAACAGCAGCAA  
GCTTTCACAGTCAGCTTGGCATGAGCTCTGGCGGAAGCACAGGCCTTCATATGCTGCAAACCTGAA  
TCTAGTACTGCAGGTGGCAGTGGAGCACTTGGGGCCGGAGGGTTTCTGATTTTGGACGTGGTTCT  
TCTGGAGAAGGCATCCATGGTGGCAGGCCAATGGCAGGTGGAAGCAAGCAAGATATCGGGAGTGCC  
GGCTCAGCTGAAGGTCGTGGAGGAAGCTCTGGTGGTCAGGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
TACTTAAAAGCAGCCGATGATGGGAAGTGA

**SEC ID N°: 106, secuencia del polipéptido SYT1 de *Gossypium hirsutum***

MQQHLMQMPMAAYYPNNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRLNMYLA  
AIADSQPQPPTVHAQFPSSGIMQPGAGHYMQHQQAQOMTQOSLMAARS SMLYSQQPFSALQQQQQQ  
ALHSQLGMSSGGSTGLHMLQTESSTAGGSGALGAGGFPDFGRGSSGEGIHGGRPMAGGSKQDILGSA  
GSAEGRGGSSGGQGGDGGETLYLKAADDGN

**SEC ID N°: 107, ADNc de SYT2 de *Gossypium hirsutum DT563805***

ATGCCGAGCCACCGCAAAATGATTCTGTGATGCCTTCATATCCACCTACTAATATCACTACTGAA  
CAGATTCAGAAGTACCTTGATGAGAAATAAGAAGTTGATTTTGGCAATTTTGGACAATCAGAATCTT  
GGAAAACCTCGTGAATGCGCCAGTATCAAGCTCAGCTGCAAAAGAATTTGATGTATTTAGCTGCA  
ATTGCGGATGCTCAACCTCAATCAACGCCAGCAATGTCGCCTCAGATGGCACCGCATCCAGCAATG

**FIGURA 6 (continuación)**

CAACCCGGAGGATATTTTATGCAACATCCTCAAGCTGCTGCAATGTCACAGCAACCTGGCATGTAC  
 CCTCAAAAGGTGCCATTGCAATTCAATAGTCCGCATCAAATGCAGGACCCTCAGCACCTCCTATAT  
 CAGCAGCATCAACAAGCAATGCAAGGTCAAATGGGAATCAGGCCTGGGGGACCCAATAATAGCATG  
 CATCCCATGCATTAGAGGCTAGCCTTGGAGGCGGCAGCAGTGGTGGTCCCCCTCAACCTTCAGGC  
 CCAAGTGATGGACGTGCTGGAAACAAGCAAGAGGGCTCCGAAGCTGGTGGTAATGGGCAGGGCAGC  
 ACAACTGGTGGGCATGGTGGCGGTGATGGAGCGGATGAGGCAAAGTGA

**SEC ID N°: 108, polipéptido SYT2 de *Gossypium hirsutum***

MPQPPQMI PVMP SYPPTNI TTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYLA  
 IADAQPQSTPAMSPQMAPPHPAMQPGGYFMQHPQAAAMSQQPGMYPQKVPLQFNSPHMQDPQHLLY  
 QQHQQAMQGMGIRPGGPNNMHPMHSEASLGGGSSGGPPQPSGSPSDGRAGNKQEGSEAGGNGQGS  
 TTGGHGGGDGADEAK

**SEC ID N°: 109, ADNc de SYT2 de *Hordeum vulgare* CA032350**

ATGCAGCAAGCGATGCCCATGCCCGCGGGCGGCGGCGCCTGGGATGCCTCCTTCTGCCGGCCTC  
 AGCACCGAGCAGATCCAAAAGTACCTGGATGAAAAATAACAACCTAATTTTGGCTATCTTGGAAAAT  
 CAGAACCTGGGAAAAGTTGGCGGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAGCTTCAGAAGAATCTTTTGTAT  
 TTGGCTGCGATTGCTGATACTCAGCCACAGACCTCTGTAAGCCGTCCTCAGATGGCACCACCTGCT  
 GCATCCCCAGGGGCAGGGCATTACATGTACAGGTGCCAATGTTCCCTCCGAGGACCCCTCTAACG  
 CCTCAGCAGATGCAGGAGCAGCAACTACAGCAACAACAGGCTCAGATGCTTCCGTTTGTGTTCAA  
 ATGGTTGCGAGACCCGGGGCTGTCAATGGCATTCCCCAGGCCCTCAAGTTGAACAACCAGCCTAT  
 GCAGCAGGTGGGGCCAGTCCGAGCCTTCTGGCACCGAGAGCCACAGGAGCACTGGCGCCGATAAC  
 GATGGTGGGAGCGGCTTGGCTGACCAGTCTCTAA

**SEC ID N°: 110, polipéptido SYT2 de *Hordeum vulgare***

MQQAMPMPAAAAFGMPSSAGLSTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLY  
 LAAIADTQPQTSVSRPQMAPPAAASPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQLQQQQQAQMLPFAGQ  
 MVARPGAVNGIPQAPQVEQPAYAAGGASSEPSGTESHRSTGADNDGGSGLADQS

**SEC ID N°: 111, ADNc de SYT1 de *Lactuca serriola* DW110765**

ATGAAGCAGCCGATGATGCCGAATCCAATGATGTCTTCTTCGTTTCCTCCTACAAAACATCACCACC  
 GATCAGATCCAAAAGTTCCCTTGATGAAAAAAGCAACTAATTATAGCAATAATGAGCAACCTAAAT  
 CTTGGAAAAGCTTGTGAAATGTGCCCAGTACCAAGCTCTACTCCAAAAAATTTGATGTATCTAGCA  
 GCCATTGCAGATGCTCAACCACCTACACCTACACCAACACTAAATATCTCTTATNAGATGGGCCCCG  
 GTTCCACATCCAGGGATGCCACAGCAAGGTGGATTTTACATGGCGCAGCAGCACCCCTCAGGCGGCT  
 GTAATGACGGCTCAGCCACCTTCTGGTTTTCCACAACCGATGCCTGGTATGCAATTTAACAGCCCA  
 CAGGCTATTCAAGGGCAGATGGGCGGGAGGTCCGGTGGGCCGCAAGCTCAGCCGCTAGTGATGTC  
 TGGAGAGGAAGCATGCAAGATGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
 GGCGGTGGACCTGAGGAAGCAAAGTAA

**SEC ID N°: 112, polipéptido SYT1 de *Lactuca serriola***

MKQPMMPNPMSSSFPPPTNITTDQIQKFLDENKQLIIAIMSNLNLGKLAECAQYQALLQKNLMYLA  
 AIADAQPPTPTPLNLSYXMGVPVPHPGMPQQGGFYMAQQHPQAAVMTAQPPSGFPQPMQPMQFNPS  
 QAIQGMGGRSGGPPSSAASDVWRGSMQDGGGAAADGGKDGHHAGGGPEEAK

**SEC ID N°: 113, ADNc de SYT1 de *Lycopersicon esculentum* AW934450.1 BP893155.1**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCAGCTTACTATCCAACGAACGTCCTACTACT  
 GACCATATTCAACAGTATTTGGATGAAAAAATAACTACTCATTTCTGAAGATTGTTGAGAGCCAGAAC  
 TCTGGGAAACTCAGTGAATGTGCGGAGAACCAAGCTAGGCTTCAGAGGAATCTGATGTACCTTGCT

**FIGURA 6 (continuación)**

GCGATTGCTGATTACAACCTCAACCTTCTAGCATGCATTCTCAGTTCTCTTCTGGTGGGATGATG  
 CAGCCAGGGACACACAGTTACTTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAAGCGCAACAAATGGCAACA  
 CAACAACCTCATGGCTGCAAGATCCTCGTCGATGCTCTATGGACAACAGCAGCAGCAATCTCAGTTA  
 TCGCAATATCAACAAGGCTTGCATAGTAGCCAACCTCGGCATGAGTTCTGGCAGTGGCGGAAGCACT  
 GGACTTCATCACATGCTTCAAAGTGAATCATCACCTCATGGTGGTGGTTTCTCTCATGACTTCGGC  
 CGCGCAAATAAGCAAGACATTTGGGAGTAGTATGTCTGCTGAAGGGCGCGCGGAAGTTCAAGTGGT  
 GAGAATCTTTATCTGAAAGCTTCTGAGGATTGA

**SEC ID N°: 114, polipéptido SYT1 de *Lycopersicon esculentum***

MQQHLMQMPMAAYPTNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSACAENQARLQRNLMYLA  
 AIADSQPQPSSMHSQFSSGGMMQPGTHSYLQQQQQQQAQQMATQQLMAARSSSMLYGQQQQSQL  
 SQYQQGLHSSQLGMSGSGGSTGLHHMLQSESSPHGGGFSHDFGRANKQDIGSSMSAEGRGSSGG

**SEC ID N°: 115, ADNc de SYT2 de *Malus domestica* CV084230 DR997566**

ATGCAGCAGCCACCACAAATGATCCCCGTCATGCCTTCATTTCCCTCCCACCAACATCACCACCGAA  
 CAAATTCAGAAGTACCTTGATGACAACAAAAAGTTGATTCTGGCAATATTGGATAATCAAAATCTT  
 GGAAAACCTTGCTGAGTGTGCTCAGTACCAGGCTCTGCTTCAAAGAATCTGATGTATTTAGCAGCA  
 ATTGCCGATGCGCAACCACAGGCACCAGCTGCCCTCCCAGATGGCCCCACATCCTGCTATGCAA  
 CAGGCAGGATATTACATGCAACATCCTCAGGCAGCAGCAATGGCTCAGCAACAGGGTATTTTCTCC  
 CCAAAGATGCCGATGCAATTCATAAATGCATCAAATGCACGATCCACAGCAGCACCAACAAGCC  
 ATGCAAGGGCAAATGGGAATGAGACCTGGAGGGCCTAACGGCATGCCTTCCATGCTTCATACTGAG  
 GCCACACATGGTGGTGGTAGTGGCGGCCCAAATTCAGCTGGAGACCCAAATGATGGGCGTGGAGGA  
 AGCAAGCAAGACGCCTCTGAGTCTGGGGCAGGTGGTGGTGGCCAGGGGACCTCAGCCGGCGGGCGT  
 GAACTGGTGGTGGAGAGGACGGCAAGTGA

**SEC ID N°: 116, polipéptido SYT2 de *Malus domestica***

MQQPQMI PVMPSPFPPTNITTEQIQKYLDDNKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQALLQKNLMYLA  
 IADAQPQAPAPPQMAPHPAMQQAGYYMQHPQAAAMAQQQGLFSPKMPMQFNMMHQMHDPOHQQA  
 MQGQMGMRPGGPNMPSMLHTEATHGGGSGGPNAGDPNDGRGGSKQDASESGAGGDGQGTSAAGR  
 GTGDGEDGK

**SEC ID N°: 117, ADNc de SYT2 de *Medicago trunculata* CA858743 BI310799.1 AL382135.1**

ATGCAGCAGACACCTCAAATGATTCCTATGATGCCTTCATTTCCACAACAACAACATAACCACT  
 GAGCAGATTCAAAAATATCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATCCTGGCAATATTGGACAATCAAAAT  
 CTTGGAAAACCTGCGAATGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAGAATTTGATGTATTTAGCT  
 GCAATTGCTGACGCGCAGCCACAACACCGGCCTTGCCTCCACAGATGGCCCGCACCTGCGATG  
 CAACAAGGATTCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAATGGCTCAGCAACAAGGAATGTTCCCC  
 CAAAAATGCCAATGCAGTTCGGTAATCCGCATCAAATGCAGGATCAGCAGCATCAGCAGCAACAA  
 CAGCAGCTACATCAGCAAGCTATGCAAGGTCAAATGGGACTTAGACCTGGAGGGATAAATAACGGC  
 ATGCATCCAATGCACAACGAGGCTGCTCTCGGAGGTAGCGGCAGTGGTGGTCAAATGACGGGCGTG  
 GTGGTGGAGCAAGCAAGATGCTTCCGAGCTGGGACAGCCGGCGGTGATGGTCAAGGAACCTCTGCC  
 GCAGCTGCGCACAAACAGTGGAGATGCTTCAGAAGAAGGAAAGTAA

**SEC ID N°: 118, polipéptido SYT2 de *Medicago trunculata***

MQQTPQMI PMPSPFPQQTNITTEQIQKYL DENKSLILAILDNQNLGKLAECAQYQALQKNLMYLA  
 AIADAQPQTPALPPQMAPHPAMQQGFYMQHPQAAAMAQQQGMFPQKMPMQFGNPHQMDDQHQQQQ  
 QQLHQQAMQGMGLRPGGINNGMHPMHNEAALGSSGSGGPNDRGGGSKQDASEAGTAGGDGQGTSA  
 AAAAHNSGDASEEGK

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 119, ADNc de SYT3 de *Panicum virgatum* DN152517**

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCAGTCGGCGCCCCCGCGACCGGCATCACCACCGAGCAGATCCAA  
 AAGTATTTGGATGAAAATAAGCAGCTTATTTTGGCCATCCTGGAAAATCAGAACTTAGGAAAGTTG  
 GCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAGCTTCAAAGAATCTCTTGACCTGGCTGCGATTGCAGAT  
 GCCCAACCCCAACCACCACAGAACCCTGCAAGTCGCCACAGATGATGCAACCTGGCATGGTACCA  
 GGTGCAGGGCATTACATGTCCCAAGTACCAATGTTCCCGCCAAGAACACCATTAACCCCGCAACAG  
 ATGCAAGAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCTTCAACAGCAGCAAGCACAGGCTCTTGCTTTCCCG  
 GGACAGATGGTCATGAGACCTACCATTAATGGCATGCAGCCTATGCAAGCCGACCCCTGCTGCCGCC  
 GCCGCCAGCCTACAGCAGTCAGCACCTGGCCCTACTGATGGGCGAGGAGGCAAGCAAGATGCAACT  
 GCTGGGGTGAGCACAGAGCCTTCTGGCACCGAGAGCCACAAGAGCACAACCCGAGCAGATCACGAT  
 GTGGGCACTGATGTCGCGGAGAAATCCTAA

**SEC ID N°: 120, polipéptido SYT3 de *Panicum virgatum***

MQQQMPMQSAPPATGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLYLAAIAD  
 AQPQPQNPNASRPQMMQPMVPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQQQQQLQQQQAQALAFP  
 GQVMVRPTINGMQPMQADPAAAAASLQQSAPGPTDGRGGKQDATAGVSTEPSTESHKSTTAADHD  
 VGTDVAEKS

**SEC ID N°: 121, ADNc de SYT1 de *Picea sitchensis* DR484100 DR478464.1**

ATGCAGCAGCATCTCATGCAAATGCAGCCCATGATGGCGGCATACGCCTCCAACAACATCACCCT  
 GATCACATCCAGAAGTACCTGGATGAGAAACAAGCAGTTGATTCTGGCAATTCTGGACAACCAAAAT  
 CTTGGAAAGCTCAATGAGTGTGCTCAGTACCAAGCAAAACTTCAGCAGAATTTGATGTATCTGGCT  
 GCGATTGCTGATTCTCAACCACAAGCACAAACTGCACATGCTCAGATTCTCTTAATGCAGTGATG  
 CAGTCTGGTGGGCATTACATGCAGCACCCAGCAGGCACAGCAACAAGTACTCCTCAGTCTCTGATG  
 GCAGCTAGATCTTCCATGCTGTATTCTCAGCAGCCGATGGCTGCTTTGCATCAAGCTCAGCAACAA  
 CAGCAGCAGCAGCATCAGCAGCAACAACAATCTCTTACAGCCAGCTTGGCATAAATTCTGGAGGA  
 AGCAGTGGATTGCATATGTTGCATGGTGAGACAAACATGGGATGTAATGGGCCTCTCTCATCTGGG  
 GGCTTCCCTGAATTTGGGCGTGGGTCTGCTACCTCTGCTGAAGGTATGCAGGCCAACAGGGGCTTC  
 ACTATAGATCGTGGTTCAAATAAGCAGGATGGAGTAGGATCAGAGAATGCCCATCCAGGTGCTGGT  
 GATGGAAGAGGGAGTTCAACTGGAGGGCAGAATGCAGATGAGTCAGAACCATCATACCTGAAAGCC  
 TCCGAAGAAGAAGGAAACTAG

**SEC ID N°: 122, polipéptido SYT1 de *Picea sitchensis***

MQQHLMQMPPMMAAYASNNITTDHIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNCAQYQAKLQQNLMYLA  
 AIADSQPQAQTATAHQIIPNAVMSQGGHYMQHQQAQQVTPQSLMAARSSMLYSQQPMAALHQAQQQ  
 QQQQHQQQQSLHSQLGINSGLHMLHGETNMGCNGLPLSSGGFPEFGRGSATSAEGMQANRGF  
 TIDRGSNKQDGVGSENAHPGAGDGRGSSTGGQNADESEPSYKASEEEGN

**SEC ID N°: 123, ADNc de SYT1 de *Pinus tadea* DT625916**

ATGCAGCAGCACCTCATGCAAATGCAGCCCATGATGGCGGCCTACGCCTCCAACAATATCACCCT  
 GATCACATCCAGAAGTACCTGGATGAGAAACAAGCAGTTGATTCTGGCAATTTTGGACAACCAAAAT  
 CTCGAAAGCTCAATGAGTGTGCTCAATAACAAGCAAAACTTCAGCAGAATTTGATGTATCTGGCT  
 GCTATTGCTGATTCTCAACCTCAAGCACAAACTGCACATGCTCAGATTCTCTCAAATGCGGTGATG  
 CAGTCTGGTGGGCATTACATGCAGCATCAACAGGCACAGCAACAAGTTACTCCTCAGTCTCTGATG  
 GCAGCTAGATCTTCCATACTGTATGCTCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCATCAGCAGCATCAGCAG  
 CAACAGCAGCAACAACAGTCTCTTACAGCCAGCTTGGCATAAATTTCTGGAGGAAGCAGCGGTTTG  
 CATATGTTGCATGGTGAGACAAACATGGGATGTAATGGGCCTCTGTCTATCTGGGGATTCCCTGAA

**FIGURA 6 (continuación)**

TTTGGGCGTGGGTCTGCTACCTCTGCTGATGGTATGCAGGTGAACAGGGGCTTTGCTATAGATCGT  
GGTTCAAACAAGCAGGATGGAGTTGGATCAGAGAATGCCCATGCTGGTGCTGGTATGGAAGAGGG  
AGTTCAACTGGAGGGCAGAATGCAGATGAGTCAGAACCATCATACCTGAAGGCCTCCGAGGAAGAA  
GGAAACTAG

**SEC ID N°: 124, polipéptido SYT1 de *Pinus tadea***

MQQHLMQMPMAAYASNNITTDHIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNCAQYQAKLQONLMYLA  
AIADSQPQAQTAHAQIPPNVAVMOSGGHYMQHQQAQQQVTPQSLMAARSSILYAQQQQQQQHQQHQ  
QQQQQQLHSQLGINSGGSSGLHMLHGETNMGCNGLSSGGFPEFGRGSATSADGMQVNRGFAIDR  
GSNKQDGVGSENAHAGAGDGRSSSTGGQNADESEPSYLKASEEEGN

**SEC ID N°: 125, ADNc de SYT1 de *Populus tremula* DT476906**

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCCTATTACCCCAGCAACGTCCTACT  
GATCATATTCAACAGTATCTGGACGAAAACAAGTCATTGATTTTGAAGATTGTTGAGAGCCAGAAT  
TCAGGGAAACTCAGTGAGTGTGCAGAGAACCAAGCAAGACTGCAACAAAATCTCATGTACTTGGCT  
GCAATTGCTGATTGTCAGCCCCAACCCACCTACCATGCATGCCAGTTCCCTTCCAGCGGCATTATG  
CAGCCAGGAGCACATTACATGCAGCATCAACAAGCTCAACAGATGACACCACAAGCCCTTATGGCT  
GCACGCTCTTCTATGCTGCAGTATGCTCAACAGCCATTCTCAGCGCTTCAACAACAGCAAGCCTTA  
CACAGCCAGCTCGGCATGAGCTCTGGTGGAAGCGCAGGACTTCATATGATGCAAAGCGAGGCTAAC  
ACTGCAGGAGGCAGTGGAGCTCTGGTGCTGGACGATTTCTGATTTTGGCATGGATGCCTCCAGT  
AGAGGAATCGCAAGTGGGAGCAAGCAAGATATTGGAGTGCAGGGTCTAGTGAAGGGCGAGGAGGA  
AGCTCTGGAGGCCAGGGTGGTATGGAGGTGAAACCCCTTACTTGAATCTGCTGATGATGGGAAC  
TGA

**SEC ID N°: 126, polipéptido de *Populus tremula***

MQQHLMQMPMAAYPSNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQONLMYLA  
AIADCQPQPPTMHAQFPSSGIMQPGAHYMQHQQAQQMTPQALMAARSSMLQYAQQPFSALQQQQAL  
HSQLGMSGGSSAGLHMMQSEANTAGGSGALGAGRFPDFGMDASSRGIASGSKQDIRSAGSSEGRGG  
SSGGQGGDGETLYLKSADDGN

**SEC ID N°: 127, ADNc de SYT1 de *Saccharum officinarum* CA078249.1 CA078630 CA082679  
CA234526 CA239244 CA083312**

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGAACATGATTGGGGGCTACACCTCTCCTGCCGCT  
GTGACAACCGATCTCATCCAGCAGTACCTGGATGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCTCGAC  
AACCAGAACAAATGGCAAGGTGGAGGAGTGCGAACGGCACCAAGCTAAGCTCCAGCACAACTCATG  
TACCTGGCCGCCATCGCCGACAGCCAGCCACCACAGACTGCACCACTATCACAATACCCGTCCAAC  
CTGATGATGCAGCCGGGCCCTCGGTACATGCCACCCGAGTCCGGGCAGATGATGAGCCCGCAGTCG  
CTAATGGCGGCGCGGTCTCCATGATGTACGCGCACCCGTCATGTCACTACTCCAGCAGCAGCAG  
GCAGCGCACGGGCAGCTGGGCATGGCTTCAGGGGGCGGCGGTGGCACGACCAGTGGGTTCACATC  
CTCCATGGCGAGGCCAGTATGGGCGGTGCTGGTGGCGCTTGTGCCGGCAACAACATGATGAACGCC  
GGCATGTTCTCAGGCTTTGGCCGAGCGGCAGTGGCGCCAAGGAGGGATCGACCTCGCTGTGGTT  
GACGTCCGTGGTGGCACCCAGCTCCGGCGCGCAAAGCGGGGACGGCGAGTACCTGAAAGCAGGCACC  
GAGGAAGAAGGCAGTTAA

**SEC ID N°: 128, polipéptido SYT1 de *Saccharum officinarum***

MQQQHLMQMNQNMIGGYTSPAAVTTDLIQYLDENKQLILAILDNQNNKVEECERHQAKLQHNLM  
YLAAIADSQPPTAPLSQYPSNLMMQPGPRYPMPQSGQMMSPQSLMAARSSMMYAHPSMSPLOQQQ  
AAHGQLGMASGGGGTTSGFNILHGEASMGAGGACAGNNMMNAGMFSGFGRSGSMAKEGSTSLSV  
DVRGGTSSGAQSGDGEYLYKAGTEEEGS

**FIGURA 6 (continuación)**



**SEC ID N°: 129, ADNc de SYT2 de *Saccharum officinarum* CA110367**

ATGCAGCAGCCGATGCCCATGCAGCCGCGAGCGCCGGAGATGACCCCGGCCGCGGAATCACCACG  
 GAGCAGATCCAAAAGTATCTGGATGAGAATAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGGAAAATCAGAAC  
 CTAGGAAAATTGGCAGAATGTGCTCAGTATCAATCACAACCTCAGAAGAACCTCTTGTATCTCGCT  
 GCAATCGCAGATGCCCAACACAGACTGCTGTAAGCCGCCCTCAGATGGCGCCGCTGGTGCATTG  
 CCTGGAGTAGGGCAGTACATGTACAGGTGCCTATGTTCCACCGAGGACACCTCTAACACCCAG  
 CAGATGCAGGAGCAGCAACTCAGCAGCAGCAGGCTCAGCTGCTAAATTTAGTGGCCTAATGGTT  
 GCTAGACCTGGCATGGTCAACGGCATGCCTCAGTCCATTCAAGTTCAGCAAGCTCAGCCACCACCA  
 GCAGGGAACAAACAGGATGCTGGTGGGGTGCCTCGGAGCCCTCGGGCATTGAGAACCACAGGAGC  
 ACTGGTGGTGATAATGATGGTGGGAAGCGACTAG

**SEC ID N°: 130, polipéptido SYT2 de *Saccharum officinarum***

MQQPMMPQPOAPEMTPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQSQLQKNLLYLA  
 AIADAQPQTAVSRPQMAPPALPGVGVQYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQLQQQQAQLLNFSGLMV  
 ARPGMVNGMPQSIQVQQAQPPPAGNKQDAGGVASEPSGIENHRSTGGDNDGGSD

**SEC ID N°: 131, ADNc de SYT3 de *Saccharum officinarum* CA161933.1 CA265085**

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCCGCGGGCGCCCGCTGCGGCGGGCGGCCCGCCCGGCGGCCGCGCATC  
 ACCACCGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGACGAAAATAAGCAACTTATTTTGGCCATCCTGGAAAAT  
 CAGAACTTAGGAAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAAAGAACCTCTTGTAC  
 CTGGCTGCGATTGCTGATGCCCAACCCAGCCACCACAAAACCCCTGCAGGTGCGCCCTCAGATGATG  
 CAACCTGGTATAGTGCCAGGTGCGGGCATTACATGTCAAGTACCAATGTTCCCTCCAAGAACT  
 CCATTAACCCACAGCAGATGCAAGAGCAGCAGCAGCAACAGCTTCAGCAGCAGCAAGCGCAGGCT  
 CTTACATTCCTGGACAGATGGTCATGAGACCAGCTACCATCAACGGCATAACAGCAGCCTATGCAA  
 GCTGACCTGCCCCGGCAGCGGAGCTGCAACAACCACCTATCCCAGCTGACGGGCGAGTAAGC  
 AAGCAGCAGGACACAACGGCTGGCGTGAGCTCAGAGCCTTCTGCCAATGAGAGCCACAAGACCACA  
 ACTGGAGCAGATAGTGAGGCAGGTGGTGACGTGGCGGAGAAATCCTAA

**SEC ID N°: 132, polipéptido SYT3 de *Saccharum officinarum***

MQQQMPMPAPAAAAAPPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLY  
 LAALADAQPQPQNPAGRPOMMQPGIVPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQQQQLQQQQAQA  
 LTFPGQVMRPAATINGIQQPMQADPARAAELQPPPIPADGRVSKQDDTTAGVSSEPSANESHKTT  
 TGADSEAGGDVAEKS

**SEC ID N°: 133, ADNc de SYT1 de *Solanum tuberosum* CK265597**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTACTATCCAACGAACGTCACTACT  
 GACCATATTC AACAGTATTTGGATGAGAACAAATCACTCATTCTGAAAATTTGTTGAGAGCCAAAAC  
 TCGGGAAAACCTCAGTGAATGTGCAGAGAACCAAGCTAGGCTTCAGAGGAATCTGATGTACCTTGCT  
 GCTATTGCTGATTCAACAACCTCAGCCTTCTAGCATGCATTCTCAGTTCTCTTCTGGTGGGATGATG  
 CAGCCAGGGACACACAGTTACCTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACAAGCGCAACAATGGCAACA  
 CAACAACCTCATGGCTGCAAGATCCTCATCAATGCTCTATGGACAACAACAGCAGCAGCAGCAGCAG  
 TCTCAGTTATCACAATTTCAACAAGGCTTG CATAGTAGCCAACCTTGGCATGAGTTCTGGCAGTGGT  
 GGAAGCACTGGACTTCATCACATGCTTCAAAGTGAATCATCACCTCATGGTGGTGGTTTCTCTCAT  
 GACTTCGGCCGTGCAATAAGCAAGACATTGGGAGTAGTATGTCTGCTGAAGGGCGCGGCGGAAGC  
 TCAGGTGGTGATGGTGGTGAGAATCTTTATCTGAAAGCTTCTGAGGATTGA

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 134, polipéptido SYT1 de Solanum tuberosum**

MQQHLMQMQPMMMAAYYPTNVTTDHIQQYL DENKSLILKIVESQNSGKLS ECAENQARLQRNLMYLA  
AIADSQPQPSSMHSQFSSGGMMQPGTHSYLQQQQQQQQQAQQMATQQLMAARSSSMLYGQQQQQQQQ  
SQLSQFQQGLHSSQLGMSSGSGGSTGLHHMLQSESSPHGGGF SHDFGRANKQDIGSSMSAEGRGGS  
SGGDGGENLYLKASED

**SEC ID N°: 135, ADNc de SYT3 de Sorghum bicolor CX611128**

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCCGCCGGCGCCCGCTGCGGCGGGCGGCGACGGCGCCCCCGGCGGCC  
GGCATCACCACCGAGCAGATCCAGAAGTATTTGGACGAAAATAAGCAACTTATTTTGGCCATCCTA  
GAAAATCAGAACTTAGGAAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAAAGAACCTC  
TTGTACCTGGCTGCGATTGCTGATGCCAACCCCGACCACCGCAAACCTGCAGGTGCGCCCTCAG  
ATGATGCAACCTGGTATAGTGCCAGGTGCAGGGCATTACATGTCACAAGTACCAATGTTCCCTCCA  
AGAACTCCATTAACCCACAGCAAATGCAAGAGCAGCAGCAGCAACAGCTT CAGCAGCAGCAAGCG  
CAGGCTCTTGCAATCCCTGGGCAGATGGTCATGAGACCAGCTACCATCAACGGCATGCAGCAGCCT  
ATGCAGGCTGACCCTGCCCGGGCAGCGGAGCTGCAACAGCCAGCATCTGTCCAGCCGACGGGCGA  
GTAAGCAAGCAGGACACAGCGGCTGGGGTGAGCTCAGAGCCTTCTGCCAATGAGAGCCACAAGACC  
ACAACCGGAGCAGATAGTGAGGCAGGTGGAGACGTGGCGGAGAAATCCTAA

**SEC ID N°: 136, polipéptido SYT3 de Sorghum bicolor**

MQQQMPMPAPAAAAATAPPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAIL ENQNLGKLAECAQYQAQLQKNL  
LYLAAIADAQPRPPQNPAGRPQMMQPGIVPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQQQQQLQQQQA  
QALAFPGQMVMRPATINGMQQPMQADPARAAELQQPASVPADGRVSKQDTAAGVSSEPSANESHKT  
TTGADSEAGGDVAEKS

**SEC ID N°: 137, ADNc de SYT2 de Triticum aestivum CD901951**

ATGCAGCAAGCGATGCCCATGCCGCCGGCGGGCGGGCGGGCGGGGATGCCTCCGTCTGCTGGCCTC  
AGCACCGAGCAGATCCAAAAGTACCTGGATGAAAATAAGCAACTAATTTTGGCTATCTTGGAAAAT  
CAGAACCTGGGAAAGTTGGCGGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAGCTCAGAAGAATCTTTTGTAT  
TTGGCTGCAATCGCTGATACTCAGCCACAGACCACTGTAAGCCGTCTCAGATGGCACCACCTAGT  
GCATCCCCAGGGGCAGGGCATTACATGTACAGGTGCCAATGTTCCCTCCGAGGACCCCTCTAACG  
CCTCAGCAGATGCAGGAGCAGCAACTACAGCAGCAACAGGCTCAGATGCTTCCGTTGCTGGTCAA  
ATGGTTGCGAGACCTGGGGCTGTCAATGGCATGCCTCAGGCCCTCAAGTTGAACCAGCCTATGCA  
GCAGGTGGGGCCAGTTCTGAGCCTTCTGGCACTGAGAGCCACAGGAGCACTGGTGCCGATAATGAC  
GGGGGAGCGGCTGGGCTGATCAGTCCTAA

**SEC ID N°: 138, polipéptido SYT2 de Triticum aestivum**

MQQAMPMPAAAAAPGMPPSAGLSTEQIQKYLDENKQLILAIL ENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLY  
LAAIADTQPQTTSRPMAPPASPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQLQQQQAQMLPFAGQ  
MVARPGAVNGMPQAPQVEPAYAAGGASSEPSGTESHIRSTGADNDGGSGWADQS

**SEC ID N°: 139, ADNc de SYT3 de Triticum aestivum BJ246754 BJ252709**

ATGCAGCAGGCGATGTCCTTGCCCCCGGAGCGGTGCGGCGGGTGTCTCGCCGGCCGGGCATCACC  
ACCGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGATGAAAATAAGCAACTTATTTTGGCCATCCTTGAAAATCAG  
AACCTAGGAAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTCCAAAAGAATCTCTTGATCTA  
GCTGCTATCGCGGATGCCCAACCACAGAACCTACAAGTCAACCTCAGATGGTGCAGCCTGGT  
AGTATGCAAGGTGCAGGGCATTACATGTACAAGTACCAATGTTCCCTCCAAGAACGCCTTTAACCC  
CACAGCAGATGCAAGAGCAGCAGCACCAGCAGCTT CAGCAGCAGCAAGCCAGGCCCTTTCTTTC  
CCCGCCAGGTGGTCATGAGACCAGGCACCGTCAACGGCATGCAGCAGCCTATGCAAGCAGCCGCG

**FIGURA 6 (continuación)**

GACCTCCAGCCAGCAGCAGCACCTGGAGGGAGCAAGCAGGACGCCCGAGTGGCTGGGGCCAGCTCG  
 GAACCATCTGGCACCAAGAGCCACAAGAACCGGGAGCAGAGGAGGTGGGCGCTGATGTAGCAGAA  
 CAATCCTAA

**SEC ID N°: 140, polipéptido SYT3 de *Triticum aestivum***

MQQAMSLPPGAVGAVSSPAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLYL  
 AAIADAQPPQNPTSHPMQVQPGSMQGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQHQQLQQQQAQALSF  
 PAQVVMRPGTVNGMQQPMQAAGDLQPAAPGGSKQDAAVAGASSEPSGTSKSHKNAGAEVGGADVAE  
 QS

**SEC ID N°: 141, ADNc de SYT1 de *Vitis vinifera* DV219834**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCCTATTACCCAGCAACGTCACCACT  
 GATCACATTCAGCAGTATCTTGATGAAAACAAGTCATTGATTCTGAAGATTGTTGAGAGCCAGAAT  
 TCAGGAAAATTGACTGAATGTGCAGAGAACCAGGCAAGACTACAGAGAAACCTCATGTACCTGGCT  
 GCAATTGCTGATTCTCAACCCCAACCACCACCATGCATGCTCAGTTCCTCCTAGTGGCATTGTT  
 CAGCCAGGAGCTCACTACATGCAACACCAACAAGCTCAACAAATGACACCACAGTCGCTCCTGGCT  
 GCACGCTCCTCCATGCTGTACACCAACAACCATTTTCGGCCCTGCAACAACAACAAGCCATCCAT  
 AGCCAGCTTGGCATGGGCTCTGGTGGAAGTGCAGGACTTCACATGCTGCAAGCGAGGGGAGTAAT  
 CCAGGAGGCAATGGAACACTGGGACTGGTGGGTTTCCTGATTTTCAGCCGTGGAACCTCTGGAGAA  
 GGCCTGCAGGCTGCAGGCAGGGGAATGGCTGGTGGGAGCAAGCAAGATATGGGAAATGCAGAAGGG  
 CGAGGAGGGAACCTCAGGAGGTCAGGGTGGGGATGGAGGTGAGACTCTTTACTTGAAAGCTGCTGAA  
 GATGGGAATTGA

**SEC ID N°: 142, polipéptido SYT1 de *Vitis vinifera***

MQQHLMQMPMAAAYPSNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLTECAENQARLQRNLMYLA  
 AIADSQPQPPMHAQFPFSGIVQPGAHYMQHQQAQQMTPQSLLAARSSMLYTQQPFSAQQQAIH  
 SQLGMGSGGSAGLHMLQSEGSNPGGNGTLGTGGFPDFSRGTSSEGLQAAGRGMAGGSKQDMGNAEG  
 RGGNSGGQGGDGGETLYLKAEDGN

**SEC ID N°: 143, ADNc de SYT3 de *Zea mays* CO468901**

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCCGCCGGCGCCCGCTGCCGCCGGCGGGCGGCCCGCCCGGGCGGCA  
 GGCATCACTACCGAGCAGATCCAGAAGTATTTGGACGAAAATAAGCAACTTATTTTGGCCATCCTG  
 GAAAATCAGAACTTAGGGAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAAAGAACCTC  
 TTGTACCTGGCTGCGATTGCTGATGCCCAACCCAGCCTCCGCAAAACCCTGCAGGTCGCCCTCAG  
 ATGATGCAGCCTGGTATAGTGCCAGGTGCGGGGCATTACATGTACAAGTACCAATGTTCCCTCCA  
 AGAACCCCATTAACCCCAAGCAGATGCAGGAGCAGCAGCAACAACAACAGTTTCAGCAGCAGCAG  
 CAGCAAGTGCAGGCTCTTACATTTCCCTGGACAGATGGTCATGAGACCAGGCACCATCAACGGCATG  
 CAGCAGCAGCAGCCTATGCAGGCTGACCCTGCCCGGGCAGCAGCGGAGCTGCAGCAGGCAGCACCT  
 ATCCAGCTGACGGGCGAGGAAGCAAGCAGGACACCCGGGTGGGGCGAGCTCAGAGCCTTCTGCC  
 AATGAGAGCCACAAGAGCGCCACCGGAGCAGATACCGAGGCAGGTGGCGACGTGGCCGAGAAATCC  
 TAA

**SEC ID N°: 144, polipéptido SYT3 de *Zea mays***

MQQQMPMPAPAAAAAAPPAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNL  
 LYLAAIADAQPPQNPAGRPQMMQPGIVPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQHQHQFQQQQ  
 QQVQALTFPQVMRPGTINGMQQQQPMQADPARAAELQQAAPIPADGRGSKQDTAGGASSEPSA  
 NESHKSATGADTEAGGDVAEKS

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID N°: 145, promotor GOS2 de *Oryza sativa* PRO0129**

AAATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTACCCCTAACTAACCAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT  
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAACTCATCCACCTACT  
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTTCGTTTTCTTAGTAATTAAGT  
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTACACATCTCTGTGATGAAGTTAAATTAATTCG  
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACCTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT  
AAAGAGAGAGATTTTTTTTTAAAAAATAGAATGAAGATATTCGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA  
CATATAATTATATAAATTTTATAGTTTTGTGCATTCGTATATCGCACATCATTAAGGACATGTCCTTA  
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAGACAATTGACTTATTTTTTATTATTTATCTTTTTTCG  
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT  
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC  
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACAGACCCTTTTAATAATATCTAAAAATACAAAAAATAATTTT  
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAGAAATTT  
TTGCTCGTGCAGGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCACA  
GAACAACCCACAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTAACAGCAG  
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGGCAAGAAAAACAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAA  
ATTCTCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGCACCAG  
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCCTTCTTCGATCCATATCTTCGGTTCGAGTTCTTGG  
TCGATCTCTTCCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTAT  
TGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTG  
TTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTTCGGTTTGTATAGTAGTAT  
GGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAATGAAATGGTTAGGGTACGGAATCTTGCATTTT  
GTGAGTACCTTTTGTGAGGTAATAATCAGAGCACCGGTGATTTTGTGTTGTTGTAATAAAAGTACG  
GTTGTTTGGTCCCTCGATTCGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTCC  
CTATTGAACAAAAATAATCCAATTTGAAGACGGTCCCCTGATGAGATTGAATGATTGATTCTTA  
AGCCTGTCCAAAATTTTCGCAGCTGGCTTGTGTTAGATACAGTAGTCCCATCACGAAATTCATGGAA  
ACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTTT  
TTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATGC  
TTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTATAGTCAGGAGAA  
GAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATTC  
ATTTGGATTAATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAAC  
TGTCCCTCAATTTTGTGTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGTA  
GAAGTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCGG  
GATAGTTATACTGCTGTTCTTATGATTCATTTCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACTT  
TCACCAGCAAAGTTT

**SEC ID N°: 146, Caja I**

IQ (Q/K) (Y/M/F/H) L (D/E) (E/D) N (K/N) XLI

En la que X es cualquier aminoácido

**SEC ID N°: 147, Caja II**

NL (M/L/V) YLA (A/T) IAD

**SEC ID N°: 148, prm06681**

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTTAAACAATGCAACAGCACCTGATG

**SEC ID N°: 149, prm06682**

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTCATCATTAAAGATTCCTTGTGC

**FIGURA 6 (continuación)**

**SEC ID Nº: 150, ADNc de SYT de *Brassica napus***

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCTGGTTACTACCCCAGCAATGTCACCTCT  
GATCATATTCAGCAGTACTTGGACGAGAACAAATCGTTGATTCTGAAGATAGTTGAATCTCAAAAC  
TCGGGAAAGCTCAGCGAGTGTGCCGAGAACCAGGCAAGGCTTCAACGCAACTTAATGTACTTAGCT  
GCAATTGCAGATTCTCAGCCTCAACCTCCAAGCATGCATAGCCAGTATGGAAGTCTGGTGGTGGT  
GGTTGATGCAGGGAGAAGGAGGGTCACACTATTTGCAACAGCAAACAGGCAATTCAACAGCAGCAG  
AGTCAGCAGTCTCTAATGGCGGCTCGATCTTCAATGTTGTATGCTCAGCAGCAGCAACAGCCTTAT  
GCAACGCTTCAGCAGCAGCAATTGCACCATAGCCAGCTTGGGATGAGCTCAAGCAGCGGAGGAGGA  
AGCAGCGGTCTCCATATGCTACAGGGAGAGGCTGGTGGGTTTCATGATTTTGGCCGTGAGAAGTTG  
GAAATGGGAAGTGGTGAAGGCAGAGGAGGAAGCTCAGGGGATGGTGGAGAAAACCTTTACTTGAAG  
TCATCAGATGATGGGAACTGA

**SEC ID Nº: 151, polipéptido SYT de *Brassica napus***

MQQHLMQMMPMAGYYPSNVTSDBIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMYLA  
AIADSQPQPPSMHSQYGTAGGGGLMQGEGGSHYLQQQAIQQQSSQQLMAARSSMLYAQQQQQPY  
ATLQQQLHHSQLGMSSSSGGSSGLHMLQGEAGGFHDFGREKLEMGSSEGRGSSSGDGGETLYLK  
SSDDGN

**SEC ID Nº: 152, ADNc de SYT de *Glycine max***

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCTGCCTACTACCCCAACAACGTCACCACT  
GATCACATTC AACAGTACCTGGATGAGAACAAGTCTTGAATCTGAAGATTGTTGAAAGCCAGAAT  
TCTGGCAAGCTGAGCGAGTGTGCCGAGAACCAATCAAGGCTGCAGAGAAATCTCATGTACCTAGCT  
GCAATAGCTGATTCTCAACCACAACCATCTCCATTGGCTGGTCAAGTATCCTTCTAGTGGACTTGTG  
CAGCAGGGAGCACACTACATGCAGGCTCAACAGGCTCAGCAGATGTCACAACAACAGCTAATGGCT  
TCGCGCTCCTCGCTCCTGTACTCCCAACAGCCTTTCTCAGTGCTTCAACAGCAGCAAGGCATGCAC  
AGCCAACTTGGCATGAGCTCCAGTGAAGTCAAGGCCTCCACATGCTGCAAAGTGAAGCCACTAAT  
GTTGGAGGCAATGCAACCATAGGAACCGGAGGAGGTTTCCGGACTTTGTACGCATTGGTAGTGGC  
AAGCAAGATATTGGAATCTCTGGTGAAGGCAGAGGAGGAACTCTAGTGGCCACTCTGGTGTGGT  
GGTGAGACACTTAATTACCTGAAAGCTGCTGGTGTGGAACTGA

**SEC ID Nº: 153, polipéptido SYT de *Glycine max***

MQQHLMQMMPMAAYYPNNVTDDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQSR LQRNLMYLA  
AIADSQPQPSPLAQYPPSSGLVQQGAHYMQAQAQMSQQQLMASRSSLLYSQPPFV LQQQGMH  
SQLGMSSSGS QGLHMLQSEATNVGGNATI GTGGFPDFVRI GSGKQDIGISGEGRGGNSSGHS GDG  
GETLNYLKAAGDGN

**FIGURA 6 (continuación)**