

19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 560 806**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/82** (2006.01)

**A01H 5/00** (2006.01)

**A01H 5/10** (2006.01)

**C12N 15/00** (2006.01)

**C12N 15/29** (2006.01)

**C07K 14/415** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **30.06.2010 E 10793701 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **02.12.2015 EP 2449111**

54 Título: **Expresión de reguladores de la transcripción que proporcionan tolerancia al calor**

30 Prioridad:

**30.06.2009 US 221813 P**

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

**22.02.2016**

73 Titular/es:

**PERFORMANCE PLANTS, INC. (100.0%)  
700 Gardiners Road  
Kingston, ON K7M 3X9, CA**

72 Inventor/es:

**WAN, JIANGXIN y  
HUANG, YAFAN**

74 Agente/Representante:

**DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto**

ES 2 560 806 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

Expresión de reguladores de la transcripción que proporcionan tolerancia al calor

**Campo de la invención**

5 La invención pertenece al campo de la biología molecular de las plantas y se refiere a plantas transgénicas que tienen nuevos fenotipos, métodos de producción de dichas plantas y polinucleótidos y polipéptidos útiles en tales métodos. Más específicamente, la invención se refiere a la expresión de un regulador de la transcripción y plantas transgénicas que tienen actividad aumentada del regulador de la transcripción para producir una planta que tiene un fenotipo ventajoso.

**Antecedentes de la invención**

10 Los estados de estrés ambiental son responsables del aumento del rendimiento significativo en las cosechas agrícolas. Se ha estudiado la relación entre variación del clima y la producción de maíz y soja en los Estados Unidos durante el periodo 1982-1998 (Lobell y Asner, 2003) y se encontró que incluso cambios graduales de temperatura tienen un impacto medible sobre el rendimiento de las cosechas. En el maíz y la soja se ha estimado que el rendimiento se reduce en un 17% por grado a medida que se eleva la temperatura por encima del óptimo de la estación. Tanto las monocotiledóneas como las dicotiledóneas son sensibles al estrés térmico, particularmente durante la floración y desarrollo de las semillas que se traduce en un impacto significativo sobre la producción de semilla (Young et al., 2004; Sato et al., 2002; Angari et al., 2000; Carlson, 1990; Wahid, A. et al. 2007). En el campo, el estrés térmico va acompañado a menudo por otros estados de estrés ambiental como la sequía, que aumenta adicionalmente la carga de productividad de la planta. El estrés térmico puede tener un número enorme de efectos celulares en las plantas tales como fluidez y permeabilidad alteradas de la membrana, agregación de proteínas y desnaturalización de proteínas, y el deterioro celular resultante puede conducir a cambios deletéreos en el crecimiento y desarrollo de las plantas, lo cual impacta en su capacidad para sobrevivir. Se ha sugerido que las plantas poseen una capacidad inherente para termotolerancia basal y adquirida y que un mecanismo común de respuesta al calor está presente en diversas especies de plantas (Kapoor et al., 1990; Vierling, 1991; Flahaut et al., 1996; Burke et al., 2000; Hong and Vierling, 2000; Massie et al., 2003; Larkindale et al., 2005). Se han realizado numerosos estudios para identificar y caracterizar genes y mecanismos que están involucrados en la termotolerancia de las plantas. Por ejemplo los factores de transcripción del choque térmico (HSF) y proteínas del choque térmico (HSP) han recibido gran atención para elucidar los papeles y efectos de estos genes en respuesta al estrés térmico al igual que las hormonas de crecimiento de las plantas tales como el ácido abscísico y el etileno. No está claro el modo en que las plantas sienten el calor, pero es evidente que están involucrados mecanismos múltiples de señalización y componentes celulares (Larkindale et al. 2005, Plant Physiol. 138: 882-897) y que existe una intermodulación de mecanismos de señalización entre los estados de estrés ambiental y nutricional tales como estrés por choque térmico, estrés por agua/sequía, estrés por frío, estrés por oxidación y estrés por metales pesados.

35 Los factores de transcripción son proteínas de fijación de DNA que interaccionan con secuencias específicas promotoras o intensificadoras y alteran la expresión génica del gen asociado. Donde la secuencia específica que fija el factor de transcripción está asociada con un conjunto de genes, los mecanismos completos pueden estar regulados de manera coordinada con diversos genes componentes que están regulados simultáneamente en sentido creciente o en sentido decreciente. Un factor de transcripción puede alterar de manera coordinada un conjunto de genes en respuesta a un estímulo tal como un estrés ambiental, estatus nutricional o ataque de patógenos, por ejemplo, o puede ser un componente de un mecanismo de señalización, tal como un mecanismo de señalización hormonal por ejemplo. Los factores de transcripción poseen una estructura modular y se clasifican fundamentalmente sobre la base del dominio de fijación de DNA. Algunos reguladores de la transcripción son participantes en cascadas de señales múltiples. El mecanismo y los genes regulados aguas abajo pueden variar dependiendo de la presencia o ausencia de otros reguladores y componentes del mecanismo. Los reguladores de la transcripción interaccionan como una red, por lo cual el resultado depende de una multitud de factores interactivos.

50 La activación de la transcripción está mediada fundamentalmente por factores de transcripción que interaccionan con elementos intensificadores y promotores. La fijación de factores de transcripción a tales elementos de DNA constituye un paso crucial en la iniciación de la transcripción. Cada factor de la transcripción se fija a su secuencia de fijación específica en un promotor y activa la expresión de la región codificante enlazada por interacciones con coactivadores y/o proteínas que forman parte del complejo de transcripción.

55 El factor de transcripción bHLH39 es un miembro de una de las mayores familias de factores de transcripción en *Arabidopsis thaliana* que comprende tantas como 162 proteínas (Heim et al., 2003, Toledo-Ortiz et al., 2003, Bailey et al., 2003). Esta familia de proteínas se distingue de otros factores de transcripción por su dominio básico hélice-bucle-hélice (bHLH). Estudios realizados han demostrado que la región básica es crítica para la fijación de DNA, mientras que la región hidrófoba hélice-bucle-hélice se requiere para formación de homodímeros y heterodímeros. Las proteínas bHLH pueden tener parejas de fijación múltiples, y por consiguiente modulan el nivel de expresión de genes de un subconjunto diferente dependiendo de su pareja real (Zhang et al., 2003). Estudios funcionales han implicado las proteínas bHLH en una gama de procesos celulares tales como la determinación del destino celular de

la epidermis de la raíz (Tominaga, R., et al., 2007), producción de antocianinas (Ramsay et al., 2003), y señalización por luz (Martinez-Garica et al., 2000) así como absorción de hierro (Ling et al., 2002).

5 La región básica de las proteínas bHLH, constituida por aproximadamente 15-17 residuos, es responsable de la fijación a elementos cis en promotores de genes diana. El 75% de todas las proteínas bHLH de *Arabidopsis* se predice que están fijadas al motivo central conocido como la caja E (5'-CANNTG-3') (Toledo-Ortiz et al., 2003). La especificidad para la caja E puede predecirse de acuerdo con la presencia de dos residuos críticos, ácido glutámico-85 y aeginina-88. bHLH39, y sus tres homólogos más próximos de *Arabidopsis*, bHLH38, bHLH100, y bHLH101, contienen todos ellos el ácido glutámico y la arginina críticos, y por tanto se predice que se fijan a este motivo. El tipo de fijación a la caja E puede dividirse ulteriormente conforme a la preferencia de fijación de dos nucleótidos centrales. Se predice que bHLH39 se fija al motivo de la caja G CACGTG conforme a la presencia de dos residuos, arginina-89 e histidina-81. Arginina-89 e histidina-81 son responsables del contacto de los dos nucleótidos centrales "CG" en la caja G y la estabilización de la interacción. Estos dos residuos críticos se encuentran también en los otros tres homólogos de *Arabidopsis* bHLH39. Los cuatro residuos críticos se conservan en la totalidad de los 95 homólogos excepto en dos casos, el homólogo de *Cicer arietinum* tiene una arginina en lugar de la histidina-81, y un homólogo de *Vitis vinifera* tiene una valina en lugar del ácido glutámico-85 (Fig. 1).

Evidencia adicional que soporta la especificidad de fijación de bHLH39 proviene de informes del ortólogo de arroz OsIRO2, que se fija a 5'-CACGTGG-3' (Ogo et al., 2006). Como ocurre en el caso de OsIRO2, los residuos exteriores al motivo de fijación central afectan también muy probablemente a la especificidad de fijación.

20 Las proteínas de bHLH se fijan como dímeros a sus dianas de DNA, y la especificidad de pareja de fijación está codificada en el dominio hélice-bucle-hélice. La evidencia de la estructura cristalina de un complejo humano intacto Max-DNA demostró que el residuo leucina 99 es crítico para la formación de dímeros (Brownlie et al., 1997). Este residuo se conserva a lo largo de todos los homólogos de bHLH39 excepto un homólogo de *Vitis vinifera*. Otros residuos que exhiben más de 95% de conservación en todos los homólogos de bHLH39 incluían Arginina-100, Tirosina-124, Isoleucina-125, y Prolina-126. El requerimiento de una prolina en la posición 126 parece ser específico para bHLH39, bHLH38, bHLH100, y bHLH101, lo que sugiere que este residuo es importante en la facilitación de la especificidad de dimerización para este grupo.

30 Conforme a semejanzas estructurales aparte del dominio de fijación de DNA, bHLH39 es similar a otras 10 proteínas de bHLH, que forman juntas el subgrupo 1b (Heim et al., 2003). El bHLH39 y su homólogo más próximo en *Arabidopsis*, bHLH38, exhiben 79% de semejanza y están localizados en tándem en el genoma, lo que sugiere una duplicación evolutiva reciente. Otros miembros del subgrupo 1b incluyen bHLH100 y bHLH101. La semejanza porcentual entre AtbHLH39 y otros tres miembros del subgrupo 1b de AtbHLH (conforme a la alineación Clustal W) se muestran a continuación en la Tabla A.

Tabla A: Semejanza porcentual entre AtbHLH39, AtbHLH38, AtbHLH100 y AtbHLH101

	AtbHLH39	AtbHLH38	AtbHLH100	AtbHLH101
AtbHLH39	100	79	60	31
AtbHLH38		100	57	32
AtbHLH100			100	29%
AtbHLH101				100

35 Tanto bHLH39 como bHLH38 se identificaron en una búsqueda de dianas aguas abajo de una fijación de DNA con el factor de transcripción de un dedo (Dof), el factor de fijación del elemento ocs (OBP3) que es inducible por ácido salicílico. En este caso, bHLH39 se designó ORG3 y bHLH38 se designó ORG2. Se demostró que bHLH39 y bHLH38 tenían expresión co-regulada e intensificada en las líneas de sobreexpresión de OBP3, y estaban regulados en sentido decreciente en las líneas de pérdida de función OBF3 (Kang et al., 2003). Subsiguientemente, se demostró que bHLH39 y bHLH 38 son responsables del estrés mediado por deficiencia en hierro, junto con sus dos homólogos más próximos en el subgrupo 1b de bHLH, bHLH100, y bHLH101. El papel de la expresión de bHLH39 y bHLH38 en relación con la deficiencia en hierro ha sido estudiado. Se ha demostrado que un regulador de la transcripción FIT (AtbHLH29) interacciona con bHLH28 o bHLH39 para regular transcripcionalmente los genes de absorción de hierro FRO2 e IRT1. La sobreexpresión de AtbHLH38 o AtbHLH39 con FIT se encontró que altera el patrón de expresión de FRO2 e IRT1 para activación constitutiva y da como resultado la tolerancia a la deficiencia en hierro (Yuang et al., 2008). FRO2, una quelato-reductasa férrica, es responsable del aumento de hierro en el suelo, un proceso requerido para aumentar la solubilidad y biodisponibilidad del hierro. El hierro es transportado subsiguientemente a través de la membrana por el transportador de hierro, IRT1. La expresión ectópica de la

proteína AtbHLH38 o AtbHLH39 bajo el control del promotor 35S en las plantas de tabaco conduce a la síntesis y excreción de riboflavina, un mecanismo de defensa conocido para condiciones deficientes en hierro (Vorwieger et al., 2007).

5 En un mecanismo regulador de transcripción, es común que un primer regulador de la transcripción regule un segundo regulador de la transcripción, dependiendo de la red de factores de interacción, un regulador simple de la transcripción puede jugar papeles en una diversidad de mecanismos dando como resultado una diversidad de resultados fisiológicos o bioquímicos. Una relación de este tipo se ha demostrado entre algunas proteínas MYB y algunas proteínas bHLH (Ramsay y Clover, 2005).

10 La familia MYB de factores de transcripción está compuesta de al menos 198 genes (Yanhui et al. 2006) y se ha propuesto que tiene funciones reguladoras en una amplia red de procesos que van desde crecimiento y desarrollo a respuestas de defensa. Las proteínas MYB de las plantas se clasifican basándose en la presencia y el número de repeticiones MYB imperfectas compuestas cada una de aproximadamente 52 aminoácidos. El dominio MYB forma una conformación hélice-vuelta-hélice y representa el dominio de fijación de DNA. Tres grupos principales de proteínas MYB han sido clasificados como proteínas afines a R1R2R3-MYB, R2R3-MYB y a MYB.

15 La familia de proteínas R2R3-MYB en *Arabidopsis* está constituida por 125 proteínas y se caracteriza por tener un dominio de fijación de DNA R2R3 en su término N (Kranz et al., 1998, y Stracke et al., 2001). Estos genes están implicados en cierto número de procesos biológicos que incluyen acciones de mediación hormonal, metabolismo secundario (Paz-Ares et al., 1987), control de morfogénesis celular (Oppenheimer et al., 1991), desarrollo del meristemo, floral y de la semilla (Kirik et al., 1998, Schmitz et al., 2002) y la respuesta a diversos factores ambientales (Kranz et al., 1998; Jin y Martin, 1999; Meissner et al., 1999).

#### Sumario de la invención

25 Esta invención está basada en el descubrimiento de que la sobreexpresión de un regulador de la transcripción génica del subgrupo 1b de bHLH da como resultado una planta con un fenotipo alterado tal como, por ejemplo, tolerancia aumentada al estrés térmico, aborto reducido de la floración durante el estrés térmico, y rendimiento aumentado con relación a una planta de tipo salvaje.

Más específicamente, la invención se refiere a la identificación de un bHLH39 o bHLH101 como reguladores de la transcripción que, cuando se sobreexpresan, producirán plantas que tienen un fenotipo de tolerancia al estrés térmico.

30 En un aspecto, la invención proporciona un método de producción de una planta transgénica que tiene una tolerancia aumentada al estrés térmico comparada con un control de tipo salvaje, por transformación de una planta, un cultivo de tejido de planta, o una célula de planta con un vector que contiene un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del subgrupo 1b de bHLH seleccionado del grupo constituido por bHLH38, bHLH39, bHLH100 y bHLH101, para obtener una planta transformada, un cultivo de tejido transformado o una célula de planta transformada con expresión o actividad aumentada del subgrupo 1b de bHLH y crecimiento de la planta o regeneración de una planta a partir de dicho cultivo de tejido de planta transformado o célula de planta transformada, en el cual se produce una planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje.

35 La tolerancia al estrés térmico se refiere a la capacidad de una planta para soportar los efectos debilitantes del calor que reduce el rendimiento de una planta de tipo salvaje y supera a una planta de tipo salvaje. Como se utiliza en esta memoria, el término "tolerancia aumentada al estrés térmico" se refiere a una planta en la que la tolerancia al estrés térmico es mayor en comparación con la tolerancia al estrés térmico de una planta de tipo salvaje correspondiente. Por ejemplo, una planta que tiene tolerancia al estrés térmico aumentada en comparación con una planta de tipo salvaje puede tener tolerancia al estrés térmico 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 75% o mayor que la planta de tipo salvaje correspondiente.

40 Los métodos de la invención implican aumento de la expresión o actividad de un gen del subgrupo 1b de bHLH por sobreexpresión o modificación de promotores, en donde se produce una planta que tiene tolerancia al estrés térmico aumentada con relación a una planta de tipo salvaje. En un aspecto, la invención proporciona un método de producción de una planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje, por introducción en una célula de la planta de un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del subgrupo 1b de bHLH seleccionado del grupo constituido por bHLH38, bHLH39, bHLH100 y bHLH101. Por ejemplo, una planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje se produce a) proporcionar un constructo de ácido nucleico que contiene un promotor enlazado operativamente a un constructo de ácido nucleico que expresa actividad del subgrupo 1b de bHLH; b) insertar el constructo de ácido nucleico en un vector; c) transformar una planta, cultivo de tejido, o célula de planta con el vector para obtener una planta transformada, un cultivo de tejido transformado o una célula de planta transformada con actividad del subgrupo 1b de bHLH aumentada; d) cultivar la planta o regenerar una planta a partir del cultivo de tejido o célula de la planta, en el que se produce una planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje. El constructo incluye un promotor tal como un promotor

constitutivo, un promotor específico de tejido o un promotor inducible. Preferiblemente, el promotor específico de tejido es un promotor de raíz. Un promotor inducible preferible es un promotor inducible por calor o sequía.

El método de la invención produce una planta transgénica que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico.

5 Se describe una planta que tiene una mutación no existente naturalmente en un gen bHLH, en donde la planta tiene expresión o actividad del subgrupo 1b de bHLH aumentada y la planta tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje. La expresión o actividad aumentada de bHLH se refiere a un aumento de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 30, 40, 50, 60, ó 75 veces o mayor, al nivel de DNA, RNA, o proteínas de un gen bHLH en comparación con bHLH de tipo salvaje, o un aumento de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 30, 40, 50, 60, ó 75 veces de actividad de bHLH en comparación con la actividad de bHLH de tipo salvaje.

10 Se describe también una planta que tiene un gen del subgrupo 1b de bHLH que tiene una secuencia promotora alterada asociada operativamente con él. La inserción de elementos intensificadores o mutaciones de promotores que dan como resultado expresión génica aumentada están contempladas por la presente invención.

15 Se describe adicionalmente una semilla transgénica producida por la o las plantas transgénicas de la invención, en donde la semilla produce planta que tiene un fenotipo ventajoso o propiedad mejorada tal como por ejemplo, tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje.

Se describen también ácidos nucleicos para expresión de ácidos nucleicos en una célula de planta para producir una planta transgénica que tiene un fenotipo ventajoso o propiedad mejorada tal como tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a una planta de tipo salvaje.

20 Secuencias ilustrativas que codifican un gen de bHLH de tipo salvaje o porción del mismo que encuentran uso en aspectos de la presente invención se describen en SEQ ID Núms.: 1-17, 29-52, 79-83 y 89-97. Secuencias ilustrativas que codifican un gen bHLH39 se describen en SEQ ID Núms.: 1-17. Secuencias ilustrativas que codifican un gen bHLH38 se describen en SEQ ID Núms.: 29-52. Secuencias ilustrativas que codifican un gen bHLH101 se describen en SEQ ID Núms.: 79-83. Secuencias ilustrativas que codifican un gen bHLH100 se describen en SEQ ID Núms.: 89-97. La invención proporciona adicionalmente composiciones que contienen los ácidos nucleicos de la invención para expresión en una célula de planta a fin de producir las plantas transgénicas descritas en esta memoria.

30 A no ser que se definan de otro modo, todos los términos técnicos y científicos utilizados en esta memoria tienen el mismo significado que es entendido comúnmente por una persona con experiencia ordinaria en la técnica a la que pertenece esta invención. Aunque pueden utilizarse métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en esta memoria en la práctica o los ensayos de la presente invención, métodos y materiales adecuados se describen a continuación.

En caso de conflicto, prevalecerá la presente memoria descriptiva, con inclusión de las definiciones. Adicionalmente, los materiales, métodos, y ejemplos son únicamente ilustrativos y no pretenden ser limitantes.

35 Otras características y ventajas de la invención resultarán evidentes por y están abarcadas por la descripción detallada que sigue y las reivindicaciones.

### Breve descripción de los dibujos

La Figura 1 es una alineación Clustal W de diversas proteínas AtbHLH, con inclusión de AtbHLH39, AtbHLH38, AtbHLH100 y AtbHLH101.

### Descripción detallada

40 La invención está basada en parte en el descubrimiento de plantas que tienen una propiedad agronómica mejorada, tal como por ejemplo, tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a un control de tipo salvaje. Más específicamente, la invención está basada en el descubrimiento de que la sobreexpresión de un regulador de la transcripción confiere a la planta una propiedad agronómica mejorada, tal como por ejemplo tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a un control de tipo salvaje que puede incluir aborto reducido de la floración y rendimiento aumentado.

45 El resultado sorprendente de que la sobreexpresión de un gen del subgrupo 1b de bHLH39 es suficiente para conferir tolerancia al calor ha sido demostrado. Conforme al análisis de microrredes y EMSA, bHLH39 es una diana aguas abajo de MYB68, otro factor de transcripción que confiere tolerancia al calor cuando se sobreexpresa. El análisis de microrredes demuestra que la expresión génica de IRT1 no se ve afectada significativamente en el 35S-bHLH39, lo que sugiere que la tolerancia al calor conferida por bHLH39 ocurre por un mecanismo separado de la respuesta a la privación de hierro.

50 De acuerdo con ello, la invención se refiere a métodos de mejora (v.g. aumento) de la tolerancia al estrés térmico de las plantas por aumento de la expresión o actividad de un gen del subgrupo 1b de bHLH o polipéptido. Métodos para aumentar la expresión o la actividad de un gen del subgrupo 1b de bHLH se conocen en la técnica. Por ejemplo, una

- planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico en comparación con una planta de tipo salvaje (v.g., de control) se produce por introducción en una célula de la planta de un constructo de ácido nucleico que aumenta la expresión o actividad de un gen o polipéptido del subgrupo 1b de bHLH. Se describen también las plantas transgénicas producidas por los métodos de la invención y las semillas producidas por las plantas transgénicas que producen una planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico.
- Por conveniencia, antes de la descripción ulterior de la presente invención, se definen en esta memoria ciertos términos empleados en la memoria descriptiva, los ejemplos y las reivindicaciones adjuntas. Estas definiciones deberían leerse a la vista del resto de la descripción y como son entendida por una persona con experiencia ordinaria en la técnica.
- A no ser que se definan de otro modo, todos los términos técnicos y científicos utilizados en esta memoria tienen el mismo significado que es entendido comúnmente por una persona con experiencia ordinaria en la técnica a la que pertenece esta invención. Aunque pueden utilizarse métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en esta memoria en la práctica o los ensayos de la presente invención, se describen a continuación métodos y materiales adecuados.
- En caso de conflicto, prevalecerá la presente memoria descriptiva, con inclusión de las definiciones. Adicionalmente, los materiales, métodos, y ejemplos son únicamente ilustrativos y no pretenden ser limitantes.
- Una "secuencia promotora", o "promotor", significa una secuencia de ácido nucleico capaz de inducir la transcripción de una secuencia génica enlazada operativamente en una célula de planta. Los promotores incluyen por ejemplo (pero sin carácter limitante) promotores constitutivos, promotores específicos de tejido tales como un promotor de raíz, y promotores inducibles tales como un promotor inducible por sequía, un promotor inducible por calor, o promotores endógenos tales como un promotor asociado normalmente con un gen de interés, a saber, un gen del subgrupo 1b de bHLH o secuencias promotoras cripticas o sintéticas que son capaces de dirigir la expresión de un gen en una célula de planta pero no están asociadas normalmente con un gen expresable.
- El término "casete de expresión" significa un constructo vector en el que se transcribe un gen o secuencia de ácido nucleico. Adicionalmente, el mRNA expresado puede traducirse en un polipéptido.
- Los términos "expresión" o "sobreexpresión" se utilizan intercambiamente y significan la expresión de un gen de tal modo que se expresa el transgén o gen enlazado operativamente. El nivel total de expresión en una célula puede ser elevado con relación a una célula correspondiente de tipo salvaje.
- El término "mutación no existente naturalmente" se refiere a cualquier método que introduce mutaciones o cambios genéticos en una planta o población de plantas. Por ejemplo, mutagénesis química tal como métodos de etano-metilsulfonato o éster etílico de ácido metanosulfónico, mutagénesis por neutrones rápidos, medios de inserción de DNA tales como inserción de T-DNA o mutagénesis orientada. Se incluyen también métodos para inducir cambio genético tales como métodos de meganucleasas que son una clase particular de "tijeras de DNA" que son capaces de cortar un cromosoma en un sitio específico de una célula viva.
- El término "estrés térmico" se refiere a una condición en la que el crecimiento o la productividad de la planta están inhibido con relación a una planta en la que el calor no es un factor limitante.
- El término "tolerancia al estrés térmico" se refiere a la capacidad de una planta para sobrepasar a una planta de tipo salvaje en condiciones de estrés térmico.
- El término "estrés por sequía" se refiere a una condición en la que el crecimiento o la productividad de la planta están inhibido con relación a una planta en la que el agua no es limitante. El término "estrés por agua" se utiliza de manera sinónima e intercambiamente con el estrés de agua por sequía.
- El término "tolerancia a la sequía" se refiere a la capacidad de una planta para sobrepasar una planta de tipo salvaje en condiciones de estrés por sequía o condiciones limitadas por agua o para utilizar menos agua durante el crecimiento y desarrollo con relación a una planta de tipo salvaje.
- El término "peso seco" se refiere a tejido de planta que se ha secado para eliminar la mayor parte del agua celular y se utiliza de manera sinónima e intercambiamente con el término biomasa.
- El término "nulo" se define como un hermano segregado de un linaje transgénico que ha perdido el transgén insertado y se utiliza por tanto como linaje de control.
- Cierto número de diversas abreviaturas estándar han sido utilizadas a lo largo de la descripción, tales como g, gramo; WT, tipo salvaje; DW, peso seco; WUE, eficiencia de uso de agua; d, día.
- El término "bHLH subgrupo 1b" significa un regulador de la transcripción bHLH39, bHLH38, bHLH100 o bHLH101. En algunos casos, se utiliza el término bHLH para hacer referencia al bHLH subgrupo 1b, cuando es apropiado en el contexto.

El término "ácido nucleico bHLH" se refiere a al menos una porción de un ácido nucleico bHLH. Análogamente, el término "proteína bHLH" o "polipéptido bHLH" se refiere a al menos una porción del mismo. Una porción es de al menos 21 nucleótidos de longitud con respecto a un ácido nucleico y una porción de una proteína o polipéptido es al menos 7 aminoácidos. El término "AtbHLH" se refiere a un gen de bHLH de *Arabidopsis thaliana*, y el término "Bn bHLH" se refiere a un gen bHLH de *Brassica napus*.

#### Determinación de la homología entre dos o más secuencias

Para determinar el porcentaje de homología entre dos secuencias de aminoácidos o entre dos ácidos nucleicos, se alinean las secuencias para propósitos de comparación óptima (v.g. pueden introducirse lagunas en cualquiera de las secuencias que se comparan para alineación óptima entre las secuencias). Se comparan luego los residuos de aminoácidos o nucleótidos en posiciones de aminoácidos o nucleótidos correspondientes. Cuando una posición en la primera secuencia está ocupada por el mismo residuo de aminoácido o nucleótido que la posición correspondiente en la segunda secuencia, entonces las moléculas son homólogas en dicha posición (es decir, como se utiliza en esta memoria, la "homología" de aminoácido o ácido nucleico es equivalente a "identidad" de aminoácido o ácido nucleico).

La homología de secuencia de ácido nucleico puede determinarse como el grado de identidad entre dos secuencias. La homología puede determinarse utilizando programas de computadora conocidos en la técnica, tales como el software GAP proporcionado en el paquete de programas GCG. Véase, Needleman y Wunsch (1970). Utilizando el software GCG GAP con los ajustes siguientes para comparación de secuencias de ácido nucleico: penalidad de creación de GAP de 5,0 y penalidad por extensión de GAP de 0,3, la región codificante de las secuencias de ácido nucleico análogas a que se hace referencia anteriormente exhibe un grado de identidad preferiblemente de al menos 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98%, o 99%, con la porción de secuencia codificante de la secuencia de DNA que se muestra en SEQ ID NO: 1.

El término "identidad de secuencia" se refiere al grado en que dos secuencias de polinucleótido o polipéptido son idénticas sobre una base de residuo-...-residuo en una región de comparación particular. El término "porcentaje de identidad de secuencia" se calcula por comparación de dos secuencias alineadas óptimamente en dicha región de comparación, determinando el número de posiciones en las cuales la base de ácido nucleico idéntica (v.g. A, T, C, G, U, o I, en el caso de ácidos nucleicos) existe en ambas secuencias para dar el número de posiciones coincidentes, dividiendo el número de posiciones coincidentes por el número total de posiciones en la región de comparación (es decir, el tamaño de ventana), y multiplicando el resultado por 100 para dar el porcentaje de identidad de secuencia. El término "identidad sustancial", como se utiliza en esta memoria, denota una característica de una secuencia de polinucleótidos, en la cual el polinucleótido comprende una secuencia que tiene al menos 80% de identidad de secuencia, preferiblemente al menos 85% de identidad y a menudo 90 a 95% de identidad de secuencia, más usualmente al menos 99% de identidad de secuencia en comparación con una secuencia de referencia en una región de comparación. El término "porcentaje de residuos positivos" se calcula por comparación de dos secuencias alineadas óptimamente en dicha región de comparación, determinación del número de posiciones en las cuales las sustituciones idénticas y conservadoras de aminoácidos, como se han definido arriba, existen en ambas secuencias para dar el número de posiciones coincidentes, dividiendo el número de posiciones coincidentes por el número total de posiciones en la región de comparación (es decir, el tamaño de la ventana), y multiplicando el resultado por 100 para dar el porcentaje de residuos positivos.

#### Expresión aumentada de la expresión y actividad del subgrupo 1b de bHLH

Un aspecto de la invención se refiere a medios y métodos de aumento o sobreexpresión de la expresión y actividad del gen del subgrupo 1b de bHLH, que dan como resultado un aumento de la expresión y actividad de proteínas del subgrupo 1b de bHLH. El término "expresión o actividad de bHLH" abarca los dos niveles de aumento citados. La expresión o actividad aumentada de bHLH se refiere a un aumento de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 30, 40, 50, 60, ó 75 veces o mayor, al nivel de DNA, RNA o proteína de un gen del subgrupo 1b de bHLH en comparación con bHLH de tipo salvaje, o un aumento de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 30, 40, 50, 60, ó 75 veces de la actividad de una proteína del subgrupo 1b de bHLH en comparación con la actividad del subgrupo 1b de bHLH de tipo salvaje.

Secuencias que codifican un gen del subgrupo 1b de bHLH o porción del mismo que son útiles en la preparación de constructos para expresión del subgrupo 1b de bHLH incluyen por ejemplo SEQ ID Núms.: 1-17, 29-52, 79-83 y 89-97.

Los constructos de expresión tienen por objeto proporcionar sobreexpresión constitutiva en toda la planta, o en tejidos específicos. Alternativamente, la expresión puede diseñarse por ingeniería de modo que ocurra en respuesta a un estímulo regulado temporal, espacial, o ambientalmente.

Las estrategias de expresión génica serán evidentes para el operario experto, con inclusión de aquéllas que no se exponen en esta memoria y las que se desarrollen en el futuro.

## Identificación de homólogos de AtbHLH

Homólogos de *Arabidopsis thaliana* bHLH subgrupo 1b (AtbHLH) se identificaron utilizando herramientas de búsqueda de secuencias en bases de datos, tales como la Basic Local Alignment Search Tool (Blast) (Altschul *et al.*, 1990 y Altschul *et al.*, 1997). Se emplearon los programas de análisis de secuencias tblastn o blastn utilizando la matriz de registro BLOSUM-62 (Henikoff y Henikoff 1992). La salida de un informe Blast proporciona un registro que tiene en cuenta la alineación de residuos similares o idénticos y cualesquiera lagunas necesarias a fin de alinear las secuencias. La matriz de registro asigna un registro para alineación de cualquier posible par de secuencias. Los valores P reflejan cuántas veces puede esperarse encontrar que aparezca un registro por casualidad. Se prefieren registros más altos, prefiriéndose un umbral de valor umbral P bajo. Éstos son los criterios de identidad de secuencias. Se utilizó el programa de análisis de secuencias tblastn para cuestionar una secuencia de polipéptido contra traducciones de 6 vías de secuencias en una base de datos de nucleótidos. Aciertos con un valor P menor que -25, preferiblemente menor que -70, y más preferiblemente menor que -100, se identificaron como secuencias homólogas (criterios de secuencia seleccionados ilustrativos). Se utilizó el programa de análisis de secuencias blastn para cuestionar una secuencia de nucleótido contra una base de datos de secuencia de nucleótidos. También en este caso se preferían registros mayores y un valor P umbral preferido era menor que -13, preferiblemente menor que -50, y más preferiblemente menor que -100.

Un gen bHLH subgrupo 1b puede aislarse por técnicas estándar de amplificación PCR. El uso de cebadores para regiones conservadas de un gen bHLH subgrupo 1b y amplificación PCR produce un fragmento o copia de longitud total del gen deseado. El molde puede ser DNA, genómico o una biblioteca de cDNA, o RNA o mRNA para uso con técnicas PCR de transcriptasa inversa (RtPCR). Las regiones conservadas pueden identificarse utilizando herramientas de comparación de secuencias tales como Blast o CLUSTALW por ejemplo. Cebadores adecuados han sido utilizados y descritos en otro lugar de esta solicitud.

Alternativamente, un fragmento de una secuencia de un gen bHLH subgrupo 1b es <sup>32</sup>P-radiomarcado por cebado aleatorio (Sambrook *et al.*, 1989) y se utiliza para cribar una biblioteca genómica de plantas (los polinucleótidos de test ilustrativos). Como ejemplo, DNA total de plantas de *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana tabacum*, *Lycopersicon pimpinellifolium*, *Prunus avium*, *Prunus cerasus*, *Cucumis sativus*, u *Oryza sativa* se aíslan conforme a Stockinger *et al.*, (Stockinger *et al.*, 1996). Aproximadamente 2 a 10 µg de cada muestra de DNA se digieren por restricción, se transfieren a membranas de nailon (Micron Separations, Westboro, Mass.) y se hibridan. Las condiciones de hibridación son: 42°C en formamida al 50%, 5X SSC, tampón de fosfato 1X de Denhardt 20 mM, 10% de sulfato de dextrano, y 100 µg/ml de DNA de esperma de arenque. Se realizan 4 lavados de baja severidad a la temperatura ambiente en 2X SSC, 0,05% de sarcosil-sodio y 0,02% de pirofosfato de sodio antes de lavados de alta severidad a 55°C en 0,2X SSC, 0,05% de sarcosil-sodio y 0,01% de pirofosfato de sodio. Se realizan lavados de alta severidad hasta que ya no se detectan conteos en el líquido de lavado conforme a Walling *et al.* (Walling *et al.*, 1988). Los aislados positivos se identifican, purifican y secuencian. Están disponibles otros métodos para hibridación, por ejemplo la solución de hibridación SpresHyb™ disponible de Clontech.

## Vectores de Expresión Recombinantes de bHLH y Células Hospedadoras

El método de la invención emplea vectores, preferiblemente vectores de expresión, que contienen un ácido nucleico que codifica una proteína bHLH subgrupo 1b, un gen o secuencia genómica de bHLH subgrupo 1b o porciones de los mismos y análogos u homólogos de los mismos. Como se utiliza en esta memoria, el término vector de expresión incluye vectores que están diseñados para proporcionar transcripción de la secuencia de ácido nucleico. Las secuencias transcritas pueden diseñarse para expresar el constructo génico a fin de aumentar la expresión o actividad total de una actividad de gen endógeno correlacionada con la secuencia transcrita. La secuencia expresada puede ser una proteína codificante de bHLH subgrupo 1b o de una especie heteróloga.

El ácido nucleico transcrito puede traducirse en un producto polipeptídico o proteínico. El polipéptido puede ser una variante de longitud no total, mutante o modificada de la proteína endógena. Como se utiliza en esta memoria, el término "vector" se refiere a una molécula de ácido nucleico capaz de transportar otro ácido nucleico al cual se ha unido. Un tipo de vector es un "plásmido", que se refiere a un bucle de DNA bicatenario circular al cual pueden ligarse segmentos de DNA adicionales. Otro tipo de vector es un vector viral, en cuyo caso pueden ligarse segmentos adicionales de DNA al genoma viral. Ciertos vectores son capaces de replicación autónoma en una célula hospedadora en la que se introducen los mismos (v.g., vectores bacterianos que tienen un origen de replicación bacteriano). Otros vectores se integran en el genoma de una célula hospedadora después de introducción en la misma, y con ello se replican junto con el genoma del hospedador. Además, ciertos vectores son capaces de dirigir la expresión de genes a los cuales están enlazados operativamente. A tales vectores se hace referencia en esta memoria como "vectores de expresión". En general, los vectores de expresión de utilidad en las técnicas de DNA recombinante se encuentran a menudo en forma de plásmidos. En la presente memoria descriptiva, "plásmido" y "vector" pueden utilizarse intercambiamente dado que el plásmido es la forma de vector más comúnmente utilizada. Sin embargo, la invención tiene por objeto incluir dichas otras formas de vectores de expresión, tales como vectores virales o vectores de transformación de plantas, binarios o de otro tipo, que desempeñan funciones equivalentes.

Los vectores de expresión recombinantes de la invención comprenden un ácido nucleico de la invención en una forma adecuada para expresión del ácido nucleico de una célula hospedadora, lo que significa que los vectores de expresión recombinantes incluyen una o más secuencias reguladoras, seleccionadas sobre la base de las células hospedadoras a utilizar para expresión, que está enlazada operativamente a la secuencia de ácido nucleico a expresar. Dentro de un vector de expresión recombinante, debe entenderse que "enlazado operativamente" significa que la secuencia de nucleótidos de interés está enlazada a la o las secuencias reguladoras de una manera que permite la expresión de la secuencia nucleotídica (v.g., en un sistema de transcripción/traducción *in vitro* o en una célula hospedadora cuando el vector se introduce en la célula hospedadora).

El término "secuencia reguladora" tiene por objeto incluir promotores, intensificadores y otros elementos de control de la expresión (v.g., señales de poliadenilación). Tales secuencias reguladoras se describen, por ejemplo, en Goeddel (1990). Secuencias reguladoras incluyen las que dirigen la expresión constitutiva de una secuencia de nucleótidos en muchos tipos de células hospedadoras y las que dirigen la expresión de la secuencia de nucleótidos únicamente en ciertas células hospedadoras (v.g., secuencias reguladoras específicas de tejido) o promotores inducibles (v.g., inducidos en respuesta a factores abióticos tales como condiciones ambientales, calor, sequía, estatus de nutrientes o estratos fisiológico de la célula o factor biótico tal como sensibilidad a patógenos). Ejemplos de promotores adecuados incluyen por ejemplo promotores constitutivos, promotores inducibles ABA, promotores específicos de tejido y promotores abióticos o bióticos inducibles por estrés. Será apreciado por los expertos en la técnica que el diseño del vector de expresión puede depender de factores tales como la elección de la célula hospedadora a transformar, el nivel de expresión de la proteína deseada así como la temporización y localización de la expresión, etc. Los vectores de expresión de la invención pueden introducirse en células hospedadoras para producir de este modo proteínas o péptidos, con inclusión de proteínas o péptidos de fusión, codificados por ácidos nucleicos como se describen en esta memoria (v.g., proteínas bHLH subgrupo 1b, formas mutantes de proteínas bHLH subgrupo 1b, proteínas de fusión, etc.).

Los vectores de expresión recombinantes pueden diseñarse para expresión de genes bHLH subgrupo 1b, proteínas bHLH subgrupo 1b, o porciones de los mismos, en células procariotas o eucariotas. Por ejemplo, los genes bHLH subgrupo 1b o proteínas bHLH subgrupo 1b pueden expresarse en células bacterianas tales como *Escherichia coli*, células de insecto (utilizando vectores de expresión de baculovirus), células de levadura, células de plantas o células de mamífero. Células hospedadoras adecuadas se exponen adicionalmente en Goeddel (1990). Alternativamente, el vector de expresión recombinante puede transcribirse y traducirse *in vitro*, por ejemplo utilizando secuencias reguladoras del promotor T7 y polimerasa T7.

En una realización, un ácido nucleico de la invención se expresa en células de plantas utilizando un vector de expresión de plantas. Ejemplos de sistemas vectores de expresión de plantas incluyen el plásmido inductor de tumores (Ti) o porción del mismo encontrada en *Agrobacterium*, DNA del virus del mosaico de la coliflor (CaMV) y vectores tales como pBI121.

Para expresión en plantas, la casete de expresión recombinante contendrá además de los ácidos nucleicos bHLH subgrupo 1b, una región promotora que funciona en una célula de planta, un sitio de iniciación de la transcripción (si la secuencia codificante a transcribir carece de uno), y opcionalmente una secuencia de terminación de la transcripción/poliadenilación. La región de terminación/poliadenilación puede obtenerse a partir del mismo gen que la secuencia promotora, o puede obtenerse a partir de genes diferentes. Sitios de enzimas de restricción singulares en los extremos 5' y 3' de la casete se incluyen típicamente para permitir inserción fácil en un vector preexistente.

Ejemplos de promotores adecuados incluyen promotores de virus de plantas tales como el promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV) (Odell *et al.*, 1985), promotores de genes tales como actina de arroz (McElroy *et al.*, 1990), ubiquitina (Christensen *et al.*, 1992; pEMU (Last *et al.*, 1991), MAS (Velten *et al.*, 1984) histona H3 del maíz (Lepetit *et al.*, 1992; y Atanassova *et al.*, 1992), el promotor 5' o 3' derivado de T-DNA de *Agrobacterium tumefaciens*, el promotor Smas, el promotor de cinamil-alcohol-deshidrogenasa (Patente U.S. No. 5.683.439), el promotor Nos, el promotor rubisco, el promotor GRP1-8, promotor ALS, (WO 96/30530), un promotor sintético, tal como los promotores Rsyn7, SCP y UCP, ribulosa-1,3-difosfato-carboxilasa, promotores específicos de fruto, promotores del choque térmico (HSP81.1 o HSP18.2), promotores específicos de semilla, promotores específicos de raíz, a saber uclacianin2 (UCC2, At2g 44790) y otras regiones de iniciación de la transcripción de diversos genes de plantas, por ejemplo, que incluyen las diversas regiones de iniciación de opina, tales como por ejemplo, octopina, manopina, y nopalina. En algunos casos puede utilizarse un promotor asociado con el gen de interés (v.g. bHLH) para expresar un constructo direccionado al gen de interés, por ejemplo el promotor nativo *AtbHLH*. Elementos reguladores adicionales que pueden estar conectados a una secuencia de ácido nucleico codificante de bHLH subgrupo 1b para expresión en células de plantas incluyen terminadores, secuencias de poliadenilación, y secuencias de ácido nucleico que codifican péptidos señal que permiten la localización en una célula de planta o secreción de la proteína por la célula. Tales elementos reguladores y métodos para adición o intercambio de estos elementos con los elementos reguladores del gen bHLH subgrupo 1b son conocidos e incluyen, pero sin carácter limitante, regiones de terminación 3' y/o poliadenilación tales como las del gen de nopalina-sintasa (nos) de *Agrobacterium tumefaciens* (Bevan *et al.*, 1983); el gen del inhibidor II de proteinasa de patata (PINII) (Keil *et al.*, 1986); y An *et al.* (1989); y el gen 19S de CaMV (Mogen *et al.*, 1990).

Secuencias señal de plantas, que incluyen, pero sin carácter limitante, secuencias de DNA/RNA codificantes de péptidos señal que direccionan proteínas a la matriz extracelular de la célula vegetal (Dratewka-Kos et al., 1989) y el gen de extensión de *Nicotiana plumbaginifolia* (De Loose et al., 1991), o péptidos señal que direccionan proteínas a la vacuola como el gen esporamina de la batata (Matsuoka et al., 1991) y el gen de lectina de la cebada (Wilkins et al., 1990), o señales que causan la secreción de proteínas tal como la de PR1b (Lund et al., 1992), o aquellas que direccionan proteínas a los plastos tales como la de enoil-ACP-reductasa de la colza (Verwoert et al., 1994) son útiles en la invención.

Opcionalmente, el vector de expresión recombinante es capaz de dirigir la expresión del ácido nucleico preferentemente en un tipo de célula particular (v.g., se utilizan elementos reguladores específicos de tejido para expresar el ácido nucleico). Elementos reguladores específicos de tejido se conocen en la técnica. Por ejemplo, el promotor asociado con una secuencia codificante identificada en la base de datos TAIR como At2g44790 (P<sub>4790</sub>) es un promotor específico de raíz. Especialmente útiles en conexión con los ácidos nucleicos de la presente invención son sistemas de expresión que están operativos en plantas. Éstos incluyen sistemas que se hallan bajo control en un promotor específico de tejido, así como aquéllos que implican promotores que son operativos en todos los tejidos de plantas.

Son también bien conocidos promotores específicos de órganos. Por ejemplo, el gen de calcona-sintasa-A (van der Meer et al., 1990) o el promotor de dihidroflavonol-4-reductasa (dfr) (Elomaa et al., 1998) dirigen la expresión en tejidos específicos florales. Están disponibles también el promotor patatín clase I que se activa transcripcionalmente sólo en el tubérculo de la patata y puede utilizarse para direccionar la expresión del gen en el tubérculo (Bevan, 1986). Otro promotor específico de patata es el promotor almidón-sintasa fijado a los gránulos (GBSS) (Visser et al., 1991).

Otros promotores específicos de órganos apropiados para un órgano diana deseado pueden aislarse utilizando procedimientos conocidos. Estas secuencias de control están asociadas generalmente con genes que se expresan únicamente en el órgano deseado. En una planta superior típica, cada órgano tiene miles de mRNAs que están ausentes de otros sistemas de órgano (revisado en Goldberg, 1986).

El sistema o casete de expresión resultante está ligado a o construido de otro modo para incluirse en un vector recombinante que es apropiado para transformación de plantas. El vector puede contener también un gen marcador seleccionable por el cual las células de plantas transformadas pueden ser identificadas en cultivo. El gen marcador puede codificar resistencia a antibióticos. Estos marcadores incluyen resistencia a G418, higromicina, bleomicina, kanamicina, y gentamicina. Alternativamente, el gen marcador puede codificar un gen de tolerancia a herbicidas que proporciona tolerancia a los herbicidas tipo glufosinato o glifosato. Después de la transformación de las células de la planta, aquellas células que tienen el vector se identificarán por su capacidad para crecer en un medio que contiene el antibiótico o herbicida particular. Secuencias de replicación, de origen bacteriano o viral, se incluyen también generalmente para permitir que el vector pueda clonarse en un hospedador bacteriano o de fago, incluyéndose preferiblemente un origen de replicación procariota de amplia gama de hospedadores. Debería incluirse también un marcador seleccionable para bacterias a fin de permitir la selección de células bacterianas que lleven el constructo deseado. Marcadores seleccionables procariotas adecuados incluyen también resistencia a antibióticos tales como kanamicina o tetraciclina.

Otras secuencias de DNA que codifican funciones adicionales pueden estar presentes también en el vector, como se conoce en la técnica. Por ejemplo, en el caso de transformaciones de *Agrobacterium*, se incluirán también secuencias de T-DNA para transferencia subsiguiente a los cromosomas de la planta.

Se describen en esta memoria células hospedadoras en las cuales se ha introducido un vector de expresión recombinante. Los términos "célula hospedadora" y "célula hospedadora recombinante" se utilizan en esta memoria intercambiamente. Debe entenderse que dichos términos se refieren no sólo a la célula particular de que se trata sino también a la progenie o progenie potencial de dicha célula. Dado que pueden existir ciertas modificaciones en las generaciones sucesivas debido a mutación o influencias ambientales, dicha progenie puede, de hecho, no ser idéntica a la célula parental, pero se incluye todavía dentro del alcance del término tal como se utiliza en esta memoria.

Puede introducirse DNA vector en células procariotas o eucariotas por técnicas convencionales de transformación o transfección. Como se utilizan en esta memoria, los términos "transformación" y "transfección" debe entenderse que se refieren a una diversidad de métodos reconocidos en la técnica para introducir ácido nucleico extraño (v.g., DNA) en una célula hospedadora.

Una célula hospedadora, tal como una célula hospedadora procariota o eucariota en cultivo, puede utilizarse para producir (es decir, expresar) un polipéptido de la invención codificado en un marco de lectura abierto de un polinucleótido de la invención. De acuerdo con ello, se describen métodos para producir un polipéptido utilizando las células hospedadoras. Por ejemplo, el método comprende cultivar la célula hospedadora (en la cual se ha introducido un vector de expresión recombinante que codifica un polipéptido) en un medio adecuado de tal modo que se produce el polipéptido. Opcionalmente, el método comprende además el aislamiento del polipéptido del medio o de la célula hospedadora.

Varios tipos de células pueden actuar como célula hospedadora adecuada para expresión de un polipéptido codificado por un marco de lectura abierto en un polinucleótido. Células hospedadoras de plantas incluyen, por ejemplo, células de plantas que podrían funcionar como hospedadores adecuados para la expresión de un polinucleótido de la invención e incluyen células epidérmicas, mesófilas y otros tejidos base, y tejidos vasculares en hojas, tallos, órganos florales, y raíces de una diversidad de especies de plantas, tales como *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana tabacum*, *Brassica napus*, *Zea mays*, *Oryza sativa*, *Gossypium hirsutum* y *Glycine max*.

#### Células de Plantas Transformadas y Plantas Transgénicas

Se describen un protoplasto, células de plantas, tejido de plantas y plantas (v.g., monocotiledóneas o dicotiledóneas) transformadas con un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b, un vector que contiene un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b, o un vector de expresión que contiene un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b. Como se utiliza en esta memoria, debe entenderse que "planta" incluye no sólo una planta entera sino también una porción de la misma (es decir, células, y tejidos, que incluyen por ejemplo, hojas, tallos, brotes, raíces, flores, frutos y semillas).

La planta puede ser cualquier tipo de planta que incluye, por ejemplo, especies de los géneros *Arabidopsis*, *Brassica*, *Oryza*, *Zea*, *Sorghum*, *Brachypodium*, *Miscanthus*, *Gossypium*, *Triticum*, *Glycine*, *Pisum*, *Phaseolus*, *Lycopersicon*, *Trifolium*, *Cannabis*, *Cucurbita*, *Rosa*, *Vitis*, *Juglans*, *Fragaria*, *Lotus*, *Medicago*, *Onobrychis*, *Trigonella*, *Vigna*, *Citrus*, *Linum*, *Geranium*, *Manihot*, *Daucus*, *Raphanus*, *Sinapis*, *Atropa*, *Capsicum*, *Datura*, *Hyoscyamus*, *Nicotiana*, *Solanum*, *Petunia*, *Digitalis*, *Majorana*, *Ciahorium*, *Helianthus*, *Lactuca*, *Bromus*, *Asparagus*, *Antirrhinum*, *Heterocallis*, *Nemesia*, *Pelargonium*, *Panieum*, *Pennisetum*, *Ranunculus*, *Senecio*, *Salpiglossis*, *Cucumis*, *Browaalia*, *Lolium*, *Avena*, *Hordeum*, *Secale*, *Picea*, *Caco*, y *Populus*.

La descripción incluye también células, tejidos, que incluyen por ejemplo, hojas, tallos, brotes, raíces, flores, frutos y semillas y la progenie derivada de la planta transformada.

Numerosos métodos para introducción de genes extraños en plantas se conocen y pueden utilizarse para insertar un gen en una planta hospedadora, con inclusión de protocolos biológicos y físicos de transformación de plantas (véase, por ejemplo, Miki et al., (1993) "Procedure for Introducing Foreign DNA into Plants, en: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Glick and Thompson, eds., CRC Press, Inc. Boca Raton, páginas 67-88; y Andrew Bent, en Clough SJ and Bent AF, (1998) "Floral dipping: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*"). Los métodos seleccionados varían con la planta hospedadora, e incluyen métodos de transfección química tales como fosfato de calcio, transformación con polietilenglicol (PEG), transferencia de genes mediada por microorganismos tales como *Agrobacterium* (Horsch et al., 1985), electroporación, transformación de protoplastos, microinyección, inmersión de la flor y bombardeo biolístico.

#### Transformación Mediada por *Agrobacterium*

y

El método más ampliamente utilizado para introducir un vector de expresión en plantas está basado en el sistema de transformación natural de *Agrobacterium tumefaciens* y *A. rhizogenes* que son bacterias patógenas de plantas que transforman genéticamente las células de la planta. A este respecto, los plásmidos Ti y Ri de *A. tumefaciens* y *A. rhizogenes* llevan genes responsables de la transformación genética de plantas (véase, por ejemplo Kado, 1991). Descripciones de los sistemas vectores de *Agrobacterium* y métodos para transferencia de genes mediada por *Agrobacterium* se proporcionan en Gruber et al. (1993) y Moloney et al. (1989).

Pueden producirse fácilmente plantas transgénicas de *Arabidopsis* por el método de inmersión de las plantas en floración en un cultivo de *Agrobacterium*, basado en el método de Andrew Bent en, Clough SJ and Bent AF, (1998) "Floral dipping: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*"). Las plantas de tipo salvaje se cultivan hasta que la planta tiene a la vez flores en desarrollo y flores abiertas. Las plantas se invierten durante 1 minuto en una solución de cultivo de *Agrobacterium* que lleva el constructo génico apropiado. Las plantas se dejan luego en posición horizontal en una bandeja y se mantienen cubiertas durante dos días para mantener la humedad, después de lo cual se enderezan y se embolsan para continuar el crecimiento y desarrollo de semillas. La semilla madura se cosecha a granel.

#### Transferencia Directa de Genes

Un método de transformación de plantas aplicable generalmente es la transformación mediada por microproyectiles, en la que se transporta DNA en la superficie de microproyectiles que miden aproximadamente 1 a 4  $\mu\text{m}$ . El vector de expresión se introduce en los tejidos de planta con un dispositivo biolístico que acelera los microproyectiles hasta velocidades de 300 a 600 m/s, que es suficiente para atravesar las paredes y membranas de la célula de la planta (Sanford et al., 1993; Klein et al., 1992).

La transformación de plantas puede conseguirse también por el método del Inyector de Haces de Aerosol (ABI) descrito en U.S. Pat. 5.240.842 y U.S. Pat. 6.809.232. La tecnología de haces de aerosol se utiliza para acelerar partículas húmedas o secas hasta velocidades que hacen posible que las partículas penetren en las células vivas. La tecnología de haces de aerosol emplea la expansión en chorro de un gas inerte a medida que el mismo pasa desde una región de mayor presión de gas a una región de menor presión de gas a través de un pequeño orificio. El gas que se expande acelera las gotitas de aerosol, que contienen las moléculas de ácido nucleico a introducir en

una célula o tejido. Las partículas aceleradas se posicionan para impactar en una diana preferida, por ejemplo una célula de planta. Las partículas están construidas como gotitas de un tamaño suficientemente pequeño para que la célula sobreviva a la penetración. La célula o tejido transformado se deja crecer para producir una planta por métodos estándar conocidos por los expertos en la técnica aplicable.

5 Regeneración de Transformantes

El desarrollo o la regeneración de plantas a partir de protoplastos simples de la planta o diversos explantes son bien conocido en la técnica (Weissbach y Weisswach, 1988). Este proceso de regeneración y crecimiento incluye típicamente los pasos de selección de células transformadas, cultivando dichas células individualizadas a lo largo de las etapas usuales de desarrollo embrionario hasta la etapa de plántula enraizada. Embriones y semillas transgénicos se regeneran análogamente. Los brotes transgénicos enraizados resultantes se plantan después de ello en un medio apropiado de crecimiento de plantas tal como el suelo.

El desarrollo o la regeneración de plantas que contienen el gen exógeno extraño que codifica un polipéptido de interés introducido por *Agrobacterium* a partir de explantes de hojas puede lograrse por métodos bien conocidos en la técnica tales como los descritos (Horsch et al., 1985). En este procedimiento, se cultivan transformantes en presencia de un agente de selección y en un medio que induce la regeneración de brotes en la cepa de la planta a transformar como se ha descrito (Fraley et al., 1983). En particular, U.S. Pat. No. 5.349.124 detalla la creación de células de lechuga transformadas genéticamente y plantas resultantes de ello que expresan proteínas cristalinas híbridas que confieren actividad insecticida contra larvas de Lepidópteros a tales plantas.

Este procedimiento produce típicamente brotes en el transcurso de 2 a 4 meses, y dichos brotes se transfieren luego a un medio apropiado inductor de raíz que contiene el agente selectivo y un antibiótico para prevenir el crecimiento bacteriano. Los brotes que se han enraizado en presencia del agente selectivo para formar plántulas se trasplantan luego a suelo u otro medio que permita la producción de raíces. Estos procedimientos varían dependiendo de la cepa de planta particular empleada, siendo tales variaciones bien conocidas en la técnica.

Preferiblemente, las plantas regeneradas se autopolinizan para proporcionar plantas transgénicas homocigóticas, o el polen obtenido de las plantas regeneradas se cruza para crecimiento de semilla de plantas de importancia agronómica, preferiblemente linajes endogámicos. Inversamente, el polen de plantas de dichos linajes importantes se utiliza para polinizar plantas regeneradas. Una planta transgénica que contiene un polipéptido deseado se cultiva utilizando métodos bien conocidos por un experto en la técnica.

Una planta transgénica preferida es un segregado independiente y puede transmitir el constructo del gen bHLH subgrupo 1b a su progenie. Una planta transgénica más preferida es homocigótica para el constructo génico, y transmite dicho constructo génico a toda la descendencia por apareamiento sexual. La semilla de una planta transgénica puede cultivarse en el campo o en invernadero, y plantas transgénicas resultantes sexualmente maduras se autopolinizan para generar plantas de progenie verdadera. La progenie de estas plantas se convierte en linajes de progenie verdadera que se evalúan respecto a expresión aumentada del gen bHLH subgrupo 1b.

35 Método de Producción de Plantas Transgénicas

Se describen métodos de producción de una planta transgénica que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico, aborto floral reducido, y rendimiento aumentado con relación a una planta tipo salvaje después de un estrés térmico. El método incluye introducir en una o más células de la planta un compuesto que aumenta la expresión o la actividad de bHLH subgrupo 1b en la planta para generar una célula de planta transgénica y la regeneración de una planta transgénica a partir de la célula transgénica. El compuesto puede ser, v.g., (i) un polipéptido bHLH subgrupo 1b; (ii) un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b, análogo, homólogo, ortólogo, porción, variante o complemento del mismo; (iii) un ácido nucleico que aumenta la expresión de un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b. Un ácido nucleico que aumenta la expresión de un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b puede incluir promotores o elementos intensificadores. El ácido nucleico bHLH subgrupo 1b puede ser endógeno o exógeno, por ejemplo un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b de *Arabidopsis* puede introducirse en una especie de *Brassica* o maíz. Preferiblemente, el compuesto es una secuencia de ácido nucleico bHLH subgrupo 1b endógena de la especie a transformar. Alternativamente, el compuesto es una secuencia de ácido nucleico bHLH subgrupo 1b exógena para la especie a transformar y que tiene homología de al menos 70%, 75%, 80%, 85%, 90% o mayor para la secuencia diana endógena.

La planta transgénica tiene un fenotipo alterado en comparación con una planta de tipo salvaje (es decir, no transformada). Por fenotipo alterado se entiende que la planta tiene una o más características que es o son diferente(s) de la planta de tipo salvaje. Por ejemplo, cuando la planta transgénica se ha puesto en contacto con un compuesto que aumenta la expresión o actividad de un ácido nucleico bHLH subgrupo 1b, la planta tiene un fenotipo tal como tolerancia aumentada al estrés térmico, aborto floral reducido, y rendimiento aumentado con relación a una planta de tipo salvaje después del estrés térmico.

La planta puede ser cualquier tipo de planta con inclusión, por ejemplo, de especies de los géneros *Arabidopsis*, *Brassica*, *Oryza*, *Zea*, *Sorghum*, *Brachypodium*, *Miscanthus*, *Gossypium*, *Tritium*, *Glycine*, *Pisum*, *Phaseolus*, *Lycopersicon*, *Trifolium*, *Cannabis*, *Cucurbita*, *Rosa*, *Vitis*, *Juglans*, *Fragaria*, *Lotus*, *Medicago*, *Onobrychis*,

*Trigonella, Vigna, Citrus, Linum, Germanium, Manihot, Daucus, Raphanus, Sinapis, Atropa, Capsicum, Datura, Hyoscyamus, Nicotiana, Solanum, Petunia, Digitalis, Majorana, Cichorium, Helianthus, Lactuca, Bromus, Asparagus, Antirrhinum, Heterocallis, Nemesis, Pelargonium, Panieum, Pennisetum, Ranunculus, Senecio, Salpiglossis, Cucumis, Browaalia, Lolium, Avena, Hordeum, Secale, Picea, Caco, y Populus.*

## 5 Ejemplos

### Ejemplo 1: Identificación de Genes Homólogos

Se realizaron búsquedas Blast de bHLH39 y sus homólogos de *Arabidopsis* bHLH38, bHLH100, y bHLH101 contra las bases de datos NCBI's de proteínas, nucleótidos, y EST y la base de datos Unigene TIGR's (1e-01). Se utilizaron bases de datos de secuencias genómicas para especies cuya secuencia completa se conoce, tales como arroz y sorgo. Para confirmar que una secuencia era de hecho un ortólogo de las secuencias de interés, todos los homólogos supuestos se compararon por Blast contra la base de datos de proteínas de *Arabidopsis* completa, y cualquier secuencia cuyo acierto máximo en *Arabidopsis* no era una de las cuatro secuencias de interés se retiró de cualquier análisis ulterior. Para minimizar la redundancia entre aciertos múltiples, todos los aciertos de secuencia EST se ensamblaron utilizando el programa de ensamblaje cap3, asegurando que los mismos tenían un mínimo de identidad de 90% de al menos 40 nucleótidos con un máximo de 5 lagunas. Los marcos de lectura abiertos se determinaron utilizando el programa Getorf de EMBOSS.

Las búsquedas Blast de AtbHLH39, AtbHLH38, AtbHLH100 y AtbHLH101 recuperaron 96 secuencias homólogas de 40 especies diferentes. La conservación de secuencia se limitaba a los dominios de fijación y dimerización de DNA, con poca o ninguna conservación fuera de esta área. Se descubrieron homólogos tanto en monocotiledóneas como en dicotiledóneas, lo que sugiere un requerimiento funcional importante en las plantas. Se recuperaron los homólogos de AtbHLH39 en especies agrónomicamente importantes tales como arroz y maíz, así como especies utilizadas en biocombustibles tales como *Brachypodium* y Mijo perenne.

Conforme a las búsquedas Blast contra la base de datos genómica de *Brachypodium*, existen tres homólogos de este grupo de genes, y los tres son muy similares a AtbHLH38. Existe evidencia EST para dos de los tres homólogos. Si el tercer homólogo es un pseudogén o codifica una proteína funcional está todavía por determinar.

En otras dos especies de monocotiledóneas, arroz y sorgo, existe solamente un homólogo de este grupo, y en ambas especies el homólogo está más próximo a AtbHLH38. Tanto en arroz como en sorgo, el gen codifica al menos dos variantes de remodelación.

Existen al menos dos homólogos de este grupo en *Brassica napus*, una proteína con homología estrecha a AtbHLH39, y otra con homología estrecha para AtbHLH38. Sin embargo, el homólogo BnbHLH39 contiene una mutación sin sentido que da como resultado la codificación de una proteína parcial sin dominio de fijación o dimerización alguno de DNA. Este descubrimiento se ha confirmado con varias EST's, y ocurre también en *Brassica rapa*.

### Ejemplo 2: Construcción de Vectores

El vector binario pBI121 se optimizó para transformación de *Arabidopsis* y diferentes cosechas. El gen GUS en pBI121 se delecionó por digestiones con Small y EcoCR1 y religación, dando como resultado el vector pBI121ΔGUS. Este vector se utilizó para clonar el gen para sobreexpresión. La porción C-terminal de 1,1 Kb del gen GUS se aisló de pBI121 como un fragmento EcoR V-Sac I (posiciones 6613-7715 en pBI121) y se clonó en los sitios Sma I y Sac I en pBI121ΔGUS, dando como resultado pBI121tGUS (con la porción N-terminal del gen GUS delecionada). El vector se utilizó para fabricar constructos horquilla de regulación decreciente del gen con la secuencia parcial GUS como el bucle o espaciador.

El gen NPTII en el vector pBI121 y sus derivados contiene una mutación puntual (G a T en la posición 3383 en pBI121, sustitución de aminoácidos E182D). La enzima mutante exhibía una actividad enzimática varias veces menor que su tipo salvaje (PNAS, 87:3435-3439, 1990). Con objeto de mejorar la eficiencia de transformación de diferentes cosechas, los vectores pBIΔGUS y pBItGUS se restauraron con el gen WT-NPTII: un fragmento Nhe I-BstB I (0,9 kb, posiciones 2715-3648) se reemplazó con un fragmento Nhe I-BstB I que tenía exactamente la misma secuencia, excepto la diferencia de un solo nucleótido. El fragmento se aisló por digestión de restricción del plásmido pRD400 que contenía el gen WT-NPTII (PNAS, 87: 3435-3439, 1990; Gene, 122: 383-384, 1992). Los vectores modificados se designaron pBI300ΔGUS y pBI300tGUS, respectivamente. El gen WT-NPTII se aisló también de pBI300ΔGUS como un fragmento Nhe I-Hind III (2,2 kb) y se clonó en los sitios correspondientes en pBI121. Esto generó el vector pBI300GUS. Para distinguir estos vectores de otros, los vectores binarios basados en pBI121 que contenían el gen WT-NPTII se designaron serie pBI300.

Con objeto de utilizar Basta como agente de selección, se subclonó un marcador de resistencia a Basta en pBI121. Un fragmento Ase I de 1,3 kb que abarcaba el marcador de selección Basta (35S-Bar-nosT) se amplificó por PCR a partir del vector pEGAD utilizando un cebador directo que contenía un sitio Pme I y un cebador inverso que contenía un sitio Hind III. El fragmento se clonó, entre los sitios de Pme I (posición 2492) a III (posición 4950) en pBI121, pBIΔGUS y pBItGUS. Como resultado, el marcador de selección de kanamicina (Pnos-NPTII-nosT) se reemplazó

con el marcador de selección Basta en estos vectores. Para distinguir estos vectores de otros, los vectores binarios basados en pBI121 que contenían el gen del marcador de selección Basta se designaron serie pBI800.

Los vectores pBI300 contienen el gen WT-NPTII conducido por el promotor nopalina-sintasa (nos). Dado que el promotor no es activo en plantas monocotiledóneas, fue necesario reemplazarlo con un promotor fuerte para transformación de plantas monocotiledóneas. Para este propósito, el promotor del gen TIF1 de *Brachypodium* (BdTIF1, denominado también BdGOS2) se clonó en vectores de la serie pBI300 para conducir el gen WT-NPTII. La secuencia promotora PdDIF1 (-1 a -2548 con respecto al codón de inicio ATG, que incluía el primer exón, el primer intrón y una porción del segundo exón) se amplificó por PCR como un fragmento PmeI-NheI y se clonó en los sitios correspondientes en HSP81.1-AtMYB68-pBI300 (un vector basado en pBI300 que contenía el promotor 81.1 de la proteína del choque térmico de *Arabidopsis* y la secuencia codificante de *Arabidopsis* MYB68, véase más adelante para detalles). Como resultado, el promotor TIF1p quedó situado en posición 5' aguas arriba del gen WT-NPTII con un pequeño fragmento de aproximadamente 120 pb (que incluía 65 pb del promotor nos) entre ellos. Para eliminar el fragmento de 120 pb, la secuencia codificante de WT-NPTII y la secuencia del vector flanqueante se amplificó como un fragmento NheI-SalI (2,1 kb) y se ligó al plásmido digerido con NheI y SalI. La clonación dio como resultado el vector HSP81.1-AtMYB68-pBI500. Los vectores basados en pBI121 que contenían el gen WT-NPTII dirigido por el promotor BdTIF1 se designaron serie pBI500. La secuencia HSP81.1-AtMYB68 se reemplazó también con la secuencia del promotor 35S como un fragmento HindIII-BamHI aislado por digestión de restricción a partir de pBI300ΔGUS. Esto generó el vector pBI300ΔGUS.

Ejemplo 3: Constructos de Sobreexpresión de bHLH subgrupo b1

20 Constructo 35S-AtbHLH39:

La secuencia codificante de AtbHLH39 (At3g56980) se amplificó por RT-PCR a partir de *Arabidopsis* utilizando el cebador directo BHLH039FW-XbaI y el cebador inverso BHLH039RV-BamHI. El producto PCR (0,8 kb) se clonó en el sitio XbaI y BamHI en el vector binario pBI300ΔGUS y pBI800ΔGUS, generando el constructo 35S-AtbHLH39-pBI300 y 35S-AtbHLH39-pBI800, respectivamente.

25 Constructo 35S-AtbHLH101:

La secuencia codificante de AtbHLH101 (At5g04150) se amplificó por RT-PCR a partir de *Arabidopsis* utilizando el cebador directo BHLH101FW-XbaI y el cebador inverso BHLH101RV-BamHI. El producto PCR (0,7 kb) se clonó en el sitio XbaI y BamHI en el vector binario pBI300ΔGUS y pBI800ΔGUS, generando el constructo 35S-AtbHLH101-pBI300 y 35S-AtbHLH101-pBI800, respectivamente.

30 Constructo 35S-AtbHLH38:

Utilizando la misma estrategia que se ha descrito arriba, la secuencia codificante de AtbHLH38 (At3g56970) se amplifica por RT-PCR a partir de *Arabidopsis* utilizando un cebador directo que contiene un sitio XbaI y un cebador inverso que contiene un sitio BamHI, y se somete a clonación en el sitio XbaI y BamHI en el vector binario pBI300ΔGUS, generando el constructo 35S-AtbHLH38-pBI300.

35 Constructo 35S-AtbHLH100:

Utilizando la misma estrategia que se ha descrito arriba, la secuencia codificante de AtbHLH100 (At2g41240) se amplifica por RT-PCR a partir de *Arabidopsis* utilizando un cebador directo que contiene un sitio XbaI y un cebador inverso que contiene un sitio BamHI, y se somete a clonación en el sitio XbaI y BamHI en el vector binario pBI300ΔGUS, generando el constructo 35S-AtbHLH100-pBI300.

40 Constructos HSP81.1-AtbHLH39:

Se implicaron varios pasos en el desarrollo del constructo. Una primera secuencia promotora (-401 a -1 con respecto al codón de inicio ATG) del gen de la proteína del choque térmico de *Arabidopsis* HSP81.1 (At5g52640) se amplificó por PCR con cebadores que tenían extremos SalI y XbaI del DNA genómico de *Arabidopsis*, y se clonó en los mismos sitios en pBI101, reemplazando con ello el promotor 35S. Este vector se designó pHSP81.1-GUS. La secuenciación reveló mutaciones puntuales de T a C en la posición -266 y C a T en -121 en el promotor. La tinción con GUS de las plantas jóvenes de *Arabidopsis* transformadas con este constructo demostró el mismo perfil de expresión de inducción térmica que se consigna en la bibliografía. Por tanto, estas mutaciones no afectan aparentemente a la funcionalidad del promotor. En segundo lugar, MCS2-oligo de New England Biolabs se reasoció y se ligó a pHSP81.1-GUS que se había digerido con XbaI y SmaI. Esto dio como resultado el vector pHSP81.1MCS-GUS. En tercer lugar, la secuencia GUS se deletionó por digestión con SmaI y EcoRI, y auto-religación del vector. Esto condujo al vector pHSB81.1MCSΔGUS. En cuarto lugar, la secuencia codificante AtMYB68 (At5g65790) se clonó en los sitios XbaI y BamHI para sobreexpresión de MYB68. En quinto lugar, la secuencia mutante NPTII se reemplazó con su secuencia WT como se ha descrito arriba, produciendo el vector HSP81.1-AtMYB68-pBI300. Finalmente, la secuencia codificante AtbHLH39 como fragmento XbaI-BamHI se clonó en el sitio XbaI y BamHI, reemplazando con ello la secuencia AtMYB68, dando como resultado el constructo HSP81.1-AtbHLH39-pBI300. Análogamente, el fragmento XbaI-BamHI de la secuencia codificante AtbHLH39

reemplazó la secuencia AtMYB68 en HSP81.1-AtMYB68-pBI500, dando como resultado el vector HSP81.1-AtbHLH39-pBI500.

Construceto UCC2-AtbHLH39:

5 El gen uclacianin2 de *Arabidopsis* (UCC2, At2g44790) se expresa a nivel muy alto en las raíces. Su expresión es detectable pero a niveles muy bajos en otras partes de la planta. Su perfil de expresión específico de la célula en la raíz es similar al de AtbHLH39, es decir se expresa predominantemente en la endodermis y el córtex y el estilo. La secuencia promotora del gen UCC2 (-1 a -1475 con respecto al codón de inicio ATG) se amplificó por PCR utilizando un cebador directo que contenía un sitio Sal I (P790-Sal-F) y un cebador inverso que contenía un sitio Xba I (P790-Xb-R). El producto PCR del promotor UCC2 se clonó en los sitios Sal I y Xba I en el vector HSP81.1-AtMYB68-pBI300 (véase arriba), reemplazando el promotor HSP81.1. La secuencia codificante de AtbHLH39 se clonó luego en este vector como un fragmento Xba I-BamH I, reemplazando la secuencia codificante AtMYB68. El vector resultante se designa UCC2-AtbHLH39-pBI300.

Construceto BdBS-AtbHLH39-pBI500:

15 El promotor del gen biotina-sintasa (BdBS) de *Brachypodium* (-1 a -553 con respecto al codón inicial ATG) se amplificó por PCR como un fragmento Sal I-Xba I y se clonó para sustituir el promotor HSP81.1 en HSP81.1-AtbHLH39-pBI500. El vector resultante se designó BdBS-AtbHLH39-pBI500.

Construceto BdUCC-AtbHLH39-pBI500:/

20 El homólogo más próximo a *Brachypodium* del gen uclacianin2 de *Arabidopsis* se encontraba en la secuencia genómica super\_67. La secuencia era idéntica en un 34% a uclacianin2 de *Arabidopsis* a lo largo de las regiones alineadas. Se determinó el marco de lectura abierto. Una búsqueda Blast inversa de la secuencia de proteína traducida para las proteínas TAIR8 de *Arabidopsis* encontró que la misma era la más similar a uclacianin 1 de *Arabidopsis*, un homólogo próximo de uclacianin2. En *Arabidopsis*, uclacianin1 comparte un patrón de expresión similar a uclacianin2, pero con una expresión total más débil. La secuencia promotora del homólogo de uclacianina de *Brachypodium* (BdUCC) (-22 a -1405 con relación al codón de inicio ATG) se amplificó como un fragmento Sal I-Xba I y se clonó para sustituir el promotor HSP81.1 en HSP81.1-AtbHLH39-pBI500. El vector resultante se designó BdUCC-AtbHLH39-pBI500.

Ejemplo 4: Clonación del bHLH30 de *Brachypodium*

30 Existen tres genes bHLH de *Brachypodium* con homología alta para el bHLH subgrupo 1b de *Arabidopsis* que comprenden bHLH39, bHLH38, bHLH100 y bHLH101. Los tres homólogos de *Brachypodium* están relacionados muy estrechamente con AtbHLH38. Existe una evidencia EST fuerte para el homólogo #1 (super\_13.506): la porción 5' es idéntica a la secuencia en EST DV488230, mientras que la porción 3' es idéntica a DV488393, que contiene poliAs. Sin embargo, DV488393 contiene también una secuencia que pertenece aparentemente a un intrón. Por tanto, el marco de lectura abierto exacto sigue sin estar determinado. La secuencia codificante supuesta (BdBHLH39H1) se somete a clonación por RT-PCR utilizando el cebador directo BdH1-Xb-F (que contiene un sitio Xba I) y el cebador inverso BdH1-Bm-R (que contiene un sitio BamH I), y se somete a clonación en los sitios correspondientes en un vector para producir los constructos HSP81.1-BdbHLH39HI-pBI500, BdBS-BdbHLH39-BI500 y BdUCC-BdbHLH39HI -pBI500.

Cebadores

Tabla 1: Cebadores de Clonación

SEQ ID	Nombre	Secuencia (5' a 3')	Producto PCR
106	BHLH039FW-XbaI	aaaTCTAGAATGTGTGCATTAGTACCTCCATTGTTTC	AtbHLH39 CDS, 0.8 Kb
107	BHLH039RV-BamHI	aaaGGATCCTCATATATATGAGTTTCCACATTCTCA TAC	
108	BHLH101FW-XbaI	aaatCTAGAATGGAGTATCCATGGCTGCAGTCTC	AtbHLH101CDS, 0.7 Kb

ES 2 560 806 T3

SEQ ID	Nombre	Secuencia (5' a 3')	Producto PCR
109	BHLH101RV-BamHI	aaaGGATCCTTATGATTGGCGTAATCCCAAGAGC	
110	P790-Sal-F	argtGTCGAC CTT AGC CAA TGG ATG AGG ATG	promotor AtUCC2, 1,5 Kb
111	P790-Xb-R	argtTCTAGA TTT TTG TTT ACT GTA GAA GAG	
112	BdGOS-Pm-F10	acgtGTTTAAAC GCA TAG ACT CTC AGC GGA GAG	promotor BdTIF1, 2,5 Kb
113	BdGOS-Nh-R	acgtGCTAGC gaaaactcctggtgagagtgg	
114	NPTII-Nh-F	acgtGCTAGC atgattgaacaagatggattgcac	WT-NPTII y secuencia flanqueante, 2,1 Kb
115	NPTII-Sal-R	acgtGTCGAC CTG CAG GCA TGC AAG CTT GG	
116	BdBSp-Sal-F	acgtGTCGAC ctctggatgcctaaacaacgac	promotor BdBS, 0,5 Kb
117	BdBSp-Xb-R	acgtTCTAGA ggctttgtcggcggcctg	
118	BdUCCp-Sa-F4	acgtGTCGAC GGA GGT GCA GTT TGC AGC AG	promotor BdUCC, 1,4 Kb
119	BdUCCp-Xb-R4	acgtTCTAGA TAT AGA GAG AGG GTG ATC AAC GA	
120	BdH1-Xb-F	acgtTCTAGA ATG GGG CAC AAG CAG CTG TTC	homólogo de BdbHLH39, super_13.506 (0.7 Kb)
121	BdH1-Bm-R	acgtGGATCC TCA CTG ATG CAT ATG CAG TCC	

**Ejemplo 5: Transformaciones de Plantas**

Los constructos arriba descritos han sido transformados o se transforman en *Arabidopsis* y *Brachypodium* según sea apropiado. Otras especies se transforman con un vector apropiado y se producen plantas transformadas.

**Tabla 2:** Transformación de los Constructos

CONSTRUCTO	ESPECIE DIANA	Transformado
35S-AtbHLH39-pBI300	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	At, Bn
35S-AtbHLH39-pBI800	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	
35S-AtbHLH101-pBI300	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	At
35S-AtbHLH101-pBI800	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	
35S-AtbHLH38-pBI300	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	
35S-AtbHLH100-pBI300	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	
HSP81.1-AtbHLH39-pBI300	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	At, Bn
HSP81.1-AtbHLH39-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
UCC2-AtbHLH39-pBI300	Dicotiledóneas i.e.Arabidopsis(At), Brassica(Bn)	
HSP81.1-AtbHLH39-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
BdBS-AtbHLH39-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
HSP81.1-AtbHLH39-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
BdUCC-AtbHLH39-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
HSP81.1-BdbHLH39H1-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
BdBS-BdbHLH39-BI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	
BdUCC-BdbHLH39H1-pBI500	Monocotiledóneas, i.e. Brachypodium	

## Ejemplo 6: Métodos de Transformación

5 Se produjeron plantas transgénicas de *Arabidopsis* por el método de inmersión de las plantas en floración en un cultivo de *Agrobacterium*, basado en el método de Andrew Bent en, Clough SJ y Bent AF, 1998, "Floral dipping: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*"). Se cultivaron plantas de tipo salvaje en condiciones estándar con un ciclo diario de 16 horas, 8 horas de luz a oscuridad, hasta que la planta había desarrollado tanto flores en desarrollo como flores abiertas. La planta se invirtió durante 2 minutos en una solución de cultivo de *Agrobacterium* que llevaba el constructo del génico apropiado. Las plantas se dejaron luego en posición horizontal en una bandeja y se mantuvieron cubiertas durante 2 días para mantener la humedad, después de lo cual se enderezaron y embolsaron para continuar el crecimiento y desarrollo de semillas. La semilla madura se cosechó a granel.

15 Se seleccionaron plantas T1 transformadas por germinación y crecimiento en placas MS que contenían 50 µg/ml de kanamicina o un medio de selección apropiado. Las plantas jóvenes verdes resistentes a kanamicina (Kan<sup>R</sup>) se identificaron después de 2 semanas de crecimiento y se trasplantaron a suelo. Las plantas se embolsaron para asegurar la autofertilización y la semilla T2 de cada planta se cosechó por separado. Durante el crecimiento de las plantas T1 se cosecharon muestras de hoja, se extrajo el DNA y se realizó transferencia Southern y análisis PCR.

20 Las semillas T2 se analizaron respecto a segregación de Kan<sup>R</sup>. A partir de aquellos linajes que exhibían un fenotipo resistente 3:1, se cultivaron las plantas T2 supervivientes, se embolsaron durante la producción de semillas, y se recogió semilla T3 de cada linaje. La semilla T3 se utilizó de nuevo para análisis de segregación de Kan<sup>R</sup>, y aquellos

linajes que exhibían 100% del fenotipo Kan<sup>R</sup> se seleccionaron como linajes homocigóticos. El análisis molecular y fisiológico ulterior se realizó utilizando plantas T3 jóvenes.

Se producen plantas transgénicas de *Brassica napus*, *Glycine max* y *Zea maize* utilizando transformación mediada por *Agrobacterium* del tejido del peciolo del cotiledón. Las semillas se esterilizan como sigue. Se humedecen las semillas con etanol de 95% durante un periodo de tiempo corto tal como 15 segundos. Se añaden aproximadamente 30 ml de solución esterilizante I (70% Javex, 100 µl Tween 20) y se dejan durante aproximadamente 15 minutos. Se retira la solución I y se reemplaza con 30 ml de solución II (0,25% cloruro mercúrico, 100 µl Tween 20) y se incuba durante aproximadamente 10 minutos. Las semillas se lavan con al menos 500 ml de agua estéril bidestilada y se guardan en una cápsula estéril. Las semillas se germinan en placas de medio ½ MS, pH 5,8, suplementado con 1% de sacarosa y 0,7% de agar. Los cotiledones totalmente expandidos se cosechan y se ponen en Medio I (compuestos orgánicos Murashige mínimos (MMO), 3% sacarosa, 4,5 mg/l bencil-adenina (BA), 0,7% fitoagar, pH 5,8). Un cultivo de *Agrobacterium* que contiene el constructo de ácido nucleico de interés se cultiva durante 2 días en medio AB Mínimo. Los explantes de cotiledón se sumergen de tal modo que solamente la porción corta la del peciolo está en contacto con la solución de *Agrobacterium*. Los explantes se embeben luego en Medio I y se mantienen durante 5 días a 24°C, con ciclos luz-oscuridad de 16-8 horas. Los explantes se transfieren a Medio II (Medio I, 300 mg/l de timentina) durante 7 días más y luego a Medio III (Medio II, 20 mg/l de kanamicina). Cualquier tejido de raíz o brote que se haya desarrollado en este tiempo se elimina por disección. Los explantes se transfieren a placas nuevas de Medio III después de 14-21 días. Cuando el tejido de brote regenerado se desarrolla, el tejido regenerado se transfiere a Medio IV (MMO, 3% sacarosa, 1,0% fitoagar, 300 mg/l timentina, 20 mg/l kanamicina). Una vez que el tejido de brotes sano se desarrolla, el tejido de brote diseccionado de cualquier tejido de callo se sumerge en 10 X IBA y se transfiere a Medio V (Murashige y Skooge (MS), 3% sacarosa, 0,2 mg/l de ácido indol-butírico (IBA), 0,7% agar, 300 mg/l timentina, 20 mg/l kanamicina) para enraizado. Las plántulas sanas se transfieren a suelo. El método anterior, con o sin modificantes, es adecuado para la transformación de numerosas especies de plantas que incluyen *Glycine Max*, *Zea maize* y algodón.

Se producen *Glycine Max*, *Zea maize* y algodón transgénicos utilizando métodos basados en *Agrobacterium* que son conocidos por un experto en la técnica. Alternativamente, puede utilizarse un método de transformación por bombardeo biolístico con o sin partículas. Un ejemplo de una transformación biolística sin partículas se da en la Solicitud de Patente U.S. 20010026941. Este método ha sido utilizado para producir plantas transgénicas de *Glycine Max* y *Zea maize*. Las plantas viables se propagan y se generan linajes homocigóticos. Las plantas se testan en cuanto a la presencia de tolerancia a la sequía, y fenotipos fisiológicos y bioquímicos como se describe en otro lugar.

La transformación de tejido de planta tal como *Zea maize*, por ejemplo, se consigue por sonicación de cultivo de tejido de callo. El tejido de callo se produjo como sigue. Se cosecharon espigas de maíz 18 días después del desarrollo del estigma y se esterilizó la superficie en 50% v/v de lejía durante 20 minutos, seguido por 3 lavados con agua destilada estéril. Los embriones inmaduros que abarcaban en tamaño desde 2 a 4 mm se cosecharon a partir de los granos. Los embriones se pusieron en medio MSD<sub>1,5</sub> (2% sacarosa, 1X MS de sales macronutrientes y micronutrientes, 1X MS vitaminas, 1,5 mg/L de 2,4-D, 0,8% agar, pH 5,8) con el lado del escudete hacia arriba. Los embriones se incubaron a 26-28°C en la oscuridad. Los callos friables de cultivos de dos semanas se transfirieron a medio MSD<sub>1,5</sub> nuevo y se incubaron ulteriormente a 26-28°C en la oscuridad. El callo friable se subcultivó en medio MSD<sub>1,5</sub> nuevo cada 21 días.

La transformación de tejido de callo se realizó como se describe a continuación. El constructo se introdujo en *Agrobacterium* GV3101 por inoculación de una sola colonia de *Agrobacterium* GV3101 que contenía el plásmido HPR-GUS en 10 ml de LB modificado con 150 µg/ml de rifampicina, 100 µg/ml de sulfato de gentamicina, y 50 µg/ml de kanamicina. El cultivo se dejó crecer durante una noche a 28°C con agitación mediante sacudidas a 200 rpm. El callo de maíz se cortó en trozos de tamaño aproximado 3-5 mm. El cultivo de *Agrobacterium* se centrifugó a 1500 x g durante 10 minutos y se lavó dos veces con 10 ml de MSD<sub>1,5</sub> líquido (2% sacarosa, 1X MS de sales macronutrientes y micronutrientes, 1X MS vitaminas, 1,5 mg/L 2,4-D, pH 5,8). La bacteria se resuspendió en MSD<sub>1,5</sub> líquido hasta una DO<sub>600nm</sub> de 0,25 y 1,0 L *Agrobacterium* diluido o MSD<sub>1,5</sub> líquido, para controles negativos, se puso en tubos de microcentrifugación de 1,5 mL que contenían 4 trozos de callo añadidos a cada tubo. El cultivo de callo y *Agrobacterium* se trató por ultrasonidos en un Ultrasonic Branson Cleaner 200 durante 0, 3, 10, 30, 100, ó 300 segundos con bacterias ó 0 ó 300 segundos sin bacterias (en MSD<sub>1,5</sub> líquido solo). Después de la sonicación, el callo se transfirió a papel de filtro estéril y se puso en medio MSD<sub>1,5</sub> A (medio MSD<sub>1,5</sub> sólido modificado con 100 µM de acetosiringona). El periodo de co-cultivo fue 4 días en la oscuridad a 28°C. El callo se lavó en MSD<sub>1,5</sub> líquido se transfirió a papel de filtro estéril, y se puso en medio MSD<sub>1,5</sub> T (medio MSD<sub>1,5</sub> sólido modificado con 400 µg/ml de dimentina) durante 3 días en la oscuridad a 28°C. Siete días después de la sonicación, se añadió el callo a 1 ml de solución de tinción con GUS (NaPO<sub>4</sub> 50 mM, pH 7,0, 0,1% Triton X-100, EDTA 1 mM, DTT 2 mM, 0,5 mg/ml de X-GlcA) y se dejó incubar durante una noche a 37°C. La solución de tinción se reemplazó con 1 ml de tampón de fijación (formaldehído 10%, etanol 50%) y se incubó durante 30 minutos a la temperatura ambiente. El tampón de fijación se reemplazó con etanol 80% y se incubó durante 1 hora a la temperatura ambiente. El etanol 80% se reemplazó con etanol 100% y se incubó durante 1 hora a la temperatura ambiente. El callo se evaluó respecto a tinción azul, que indicaba la actividad de GUS.

Otros métodos de transformación de plantas se utilizan en caso apropiado y están descritos comúnmente y conocidos en la técnica.

Ejemplo 7: Análisis de la Expresión

Se aisló RNA total de 22 linajes transgénicos 35S-AtbHLH39 y linajes de *Arabidopsis* tipo salvaje. Aproximadamente 100 µg de RNA total se cargaron en cada pista. La transferencia Northern se sondó con HPR cDNA radiomarcado en solución de hibridación ExpressHyb (Clontech) y se expuso utilizando una pantalla de obtención de imágenes por luminiscencia. Para cuantificación, las transferencias se sondaron de nuevo con tubulina, un gen expresado constitutivamente, como estándar comparativo.

El nivel de expresión de AtbHLH39 era 4 veces a 126 veces mayor que el del control Columbia WT. Los linajes de comportamiento óptimo (linaje -34 a linaje -97) basados en tolerancia al calor y la sequía tenían un aumento de 50 y 40 veces en la expresión de AtbHLH39 respectivamente.

Ejemplo 8: Análisis de Microrredes y Expresión

El bHLH subgrupo 1b incluye AtbHLH38, AtbHLH39, AtbHLH100 y AtbHLH101. Los datos de microrredes de los linajes transformados con un constructo de sobreexpresión para aumentar la expresión o actividad de MYB68 (35S-AtMYB68) demostraron que la expresión de RNA de AtbHLH39 y AtbHLH101 aumentaba 32 veces y 15 veces, respectivamente, cuando AtMYB68 se sobreexpresaba 37 veces. Los genes AtbHLH38 y AtbHLH100 no estaban presentes en el chip de microrredes, por lo que la expresión de estos genes estrechamente afines está todavía por determinar. Los cuatro miembros AtbHLH38, AtbHLH39, AtbHLH100 y AtbHLH101 tienen alta homología de secuencia en el grupo 1b, y pueden ser funcionalmente redundante al menos en parte.

La expresión de AtbHLH39 está co-localizada principalmente con AtMYB68 en el periciclo de la raíz, como lo está la de MYB68 (Birnbaum et al. 2003; Schmid et al. 2005). El análisis del promotor endógeno MYB68 y el promotor AtbHLH39 demuestra que estos promotores se expresan predominantemente en el tejido de raíz.

El análisis ulterior de microrredes, la expresión génica de IRT1 no se ve afectada significativamente en las plantas transgénicas que sobreexpresan AtbHLH39 (constructo 35S-AtbHLH39), lo que sugiere que el fenotipo de alta tolerancia conferido por sobreexpresión de AtbHLH39 no regula la expresión del gen IRT1, y que la implicación consignada de bHLH39 en las respuestas a la privación de hierro ocurre por un mecanismo separado.

Se analizaron las características de transcripción de la familia de genes del factor de transcripción bHLH subgrupo 1b AtbHLH39, AtbHLH38, AtbHLH100, y AtbHLH101. El AtbHLH39 se expresa predominantemente en la raíz, mientras que AtbHLH38, AtbHLH100, y AtbHLH101 tienen expresión baja en tejidos de hoja, yema, flor y raíz. La transcripción de AtbHLH38 es apenas detectable en raíz y hoja, AtbHLH100 se expresa a nivel muy bajo en la yema y la flor, y AtbHLH101 se expresa también a nivel muy bajo en raíz y hoja.

Ejemplo 9: MYB68 se fija al promotor bHLH39

Se realizaron ensayos de cambio de movilidad electroforética (EMSA) para determinar si la proteína MYB68 podría fijarse a la secuencia promotora de AtbHLH39. Se marcaron y se testaron cuatro segmentos diferentes del promotor: P1 (-1 a -224, con respecto al codón de inicio ATG), P2 (-204 a -419), P3 (-401 a -623) y P4 (-601 a -788). El DNA de sonda marcado se incubó con la proteína de fusión MYB68 purificada. Se detectó un complejo DNA-proteína con la sonda P1, mientras que otras regiones del promotor no acusaban fijación alguna con MYB68. La formación del complejo P1/MYB68 se eliminó por la adición de DNA frío competidor con la misma secuencia que la sonda, pero que no estaba afectado por competidores fríos de P3. Además, no se formaba complejo DNA-proteína alguno cuando la sonda P1 se incubó con una proteína MYB68 truncada (MYB68CD) en la cual se habían eliminado los dominios R2R3 de fijación de DNA. Los datos demostraron que la proteína MYB68 se fija específicamente al promotor AtbHLH39 en la región -1 a -224.

Para localizar ulteriormente el sitio de fijación de MYB68, cuatro oligonucleótidos bicatenarios que abarcaban la región promotora -1 a -232 se testaron como competidores en ensayos de fijación: P11 (-1 a -61), P12 (-52 a -118), P13 (-109 a -178), y P14 (-169 a -232). La fijación de MYB68 a la sonda P1 era anulada por el competidor P12, pero no era afectada por otros fragmentos, lo que indicaba que el sitio de fijación de MYB68 está dentro de la secuencia -52 a -118.

Ejemplo 10: La expresión constitutiva de Atb-HLH39 en *Arabidopsis* da como resultado un aborto floral reducido después de estrés térmico

Se dispuso un experimento con 14 linajes transgénicos 35S-AtbHLH39 y con un control de tipo salvaje (WT). Se cultivaron plantas en tiestos de 2,25 pulgadas (5,6 cm) en condiciones óptimas (22°C, 18 horas de luz de 200 µE, 60% RH) en una cámara de crecimiento hasta 3 días después de la aparición de la primera flor. Se aplicó un tratamiento de estrés térmico sometiendo las plantas a 42°C durante 2 horas. Una semana después del periodo de estrés, se evaluaron las plantas respecto a número de flores abortadas. Los resultados se muestran en la Tabla 3. Diez de los linajes transgénicos tenían aborto floral reducido con relación a los controles WT. Uno de los linajes (34-1) tenía en términos estadísticos significativamente menos flores abortadas que el WT.

Tabla 3: Aborto floral reducido después de 2 horas a 42°C (n = 6 a 11) ± SE

Entrada	# de flores abortadas	Aborto floral como % del WT
97-7	2,5±0,5	44%
34-1	2,9±0,3	51%
46-10	3,2±0,3	56%
57-2	3,6±0,4	64%
1-7	3,8±0,2	67%
41-2	4,1±0,3	72%
38-10	4,5±0,7	79%
96-4	4,5±0,5	79%
12-4	4,7±0,5	82%
30-2	4,8±0,5	85%
94-10	5,1±0,9	90%
10-1	5,7±0,5	100%
52-4	6,2±0,7	108%
103-1	6,2±0,6	109%
WT	5,7±0,6	100%

Ejemplo 11: La expresión constitutiva de AtbHLH39 en *Arabidopsis* da como resultado tolerancia de las plantas a la sequía

- 5 Se evaluó la tolerancia a la sequía en 6 linajes transgénicos At-bHLH39 que exhibían también aborto floral reducido después del estrés térmico. Las plantas se cultivaron (tiestos de 5 x 3 pulgadas (12,5 cm x 7,5 cm) en condiciones óptimas en una cámara de crecimiento (22°C, 18 horas de luz de 200 µE, 60% RH) hasta que se abrió la primera flor. El tratamiento de sequía se aplicó por riego de todas las plantas hasta el mismo nivel de saturación. Se retuvo
- 10 ulteriormente el agua. Las plantas se pesaron diariamente para determinar la pérdida diaria de agua y todas las plantas se cosecharon el día 4 del tratamiento, en cuyo momento todas las plantas estaban marchitándose visiblemente. Se calculó la pérdida de agua con relación a la biomasa final del brote, y es un indicador representativo de la tolerancia a la sequía. Los datos se normalizaron para WT, que se estableció como 100% (Tabla 4). La totalidad de los 6 linajes exhibían una pérdida de agua reducida con relación a la biomasa de brotes, 3 de las cuales eran estadísticamente significativas. Esto es indicativo del fenotipo de tolerancia a la sequía. Dos de los linajes
- 15 tolerantes a la sequía que se comportaban óptimamente eran también los linajes óptimos de comportamiento tolerante al calor, lo que indicaba una relación estrecha entre los dos rasgos: tolerancia a la sequía y tolerancia al calor, como resultado de la expresión constitutiva de AtbHLH39 en *Arabidopsis*.

Tabla 4: Pérdida de agua con relación al peso seco del brote y tolerancia a la sequía en los linajes transgénicos 35SpHLH39

Entrada	Pérdida de agua en 3d/brote DW d4	Tolerancia a la sequía (% del WT)	Brote DW d4 (g)
34-1	125±3	128%	0,56±0,01
97-7	140±5	119%	0,51±0,02

94-10	150±5	113%	0,46±0,02
-65-1	153±6	112%	0,47±0,02
30-2	162±4	106%	0,43±0,01
1-7	166±3	104%	0,43±0,01
WT	173±5	100%	0,40±0,01

Ejemplo 12: La expresión constitutiva de At-bHLH101 en *Arabidopsis* da como resultado aborto floral reducido después de estrés térmico

- 5 Se dispuso un experimento con 17 linajes transgénicos de 35S-AtbHLH101 y un control WT. Las plantas se cultivaron en tiestos de 2,25 pulgadas (5,6 cm) en condiciones óptimas (22°C, 18 horas de luz de 200 µE, 60% RH) en una cámara de crecimiento hasta 3 días después de la aparición de la primera flor. Se aplicó un tratamiento de estrés térmico sometiendo las plantas a 42°C durante 1,75 horas. Una semana después del periodo de estrés, las plantas se evaluaron respecto a número de flores abortadas. Los resultados se muestran en la Tabla 5 y demuestran que 10 de los linajes transgénicos tenían al menos un aborto floral reducido en un 10% con relación a los controles WT, y dos linajes tenían aborto floral reducido más de 50% con relación a los controles WT.
- 10

Tabla 5: Aborto floral después del estrés térmico (n = 12)

Entrada	% de flores abortadas	Aborto floral (% del WT)
61-1	1,3±0,3	41%
88-3	1,3±0,4	43%
18-1	2,0±0,5	65%
90-1	2,3±0,5	73%
15-2	2,5±0,5	81%
49-5	2,5±0,5	81%
19-4	2,7±0,4	86%
70-8	2,7±0,3	86%
75-2	2,7±0,5	86%
16-2	2,8±0,4	89%
39-11	2,8±0,4	92%
11-1	2,9±0,4	95%
81-3	3,0±0,4	97%
79-6	3,1±0,4	100%
97-2	3,1±0,4	100%
45-2	3,2±0,5	103%
9-1	3,2±0,4	103%
WT	3,1±0,3	100%

Ejemplo 13: La expresión constitutiva de AtbHLH101 en *Arabidopsis* da como resultado tolerancia de las plantas a la sequía

5 Se evaluó la tolerancia a la sequía en 10 linajes transgénicos AtbHLH101 que exhibían también aborto floral reducido después de estrés térmico. Las plantas se cultivaron en tiestos de 5 x 3 pulgadas (12,5 x 7,5 cm) en condiciones óptimas en una cámara de crecimiento (22°C, 18 horas de luz de 200 µE, 60% RH) hasta que se abrió la primera flor. Se aplicó luego tratamiento de sequía por riego de todas las plantas hasta el mismo nivel de saturación. Ulteriormente se retuvo el agua. Las plantas se pesaron diariamente para determinar la pérdida diaria de agua, y todas las plantas se cosecharon el día 4 de tratamiento, en cuyo momento todas las plantas estaban marchitándose visiblemente. Se calculó la pérdida de agua con relación a la biomasa final del brote, y es un indicador representativo de la tolerancia a la sequía. Los datos se normalizaron para WT, que se estableció como 100% (Tabla 6). Ocho de los 10 linajes examinados acusaban cierto grado de tolerancia a la sequía, y un linaje tenía una tolerancia a la sequía estadísticamente significativa, que era 27% mayor con relación al WT. Este linaje era también uno de los 4 linajes que se comportaban mejor con respecto a tolerancia al calor como se apreciaba por aborto floral reducido.

15 Tabla 6: Pérdida de agua con relación al peso seco del brote y tolerancia a la sequía en los linajes transgénicos 5S-bHLH101

Entrada	Pérdida de agua en 3d/brote DW d4	Tolerancia a la sequía (% del WT)	Brote DW d4 (g)
90-1	147±5	127%	0,48±0,02
16-2	174±6	114%	0,41±0,02
61-1	176±5	113%	0,40±0,01
70-8	177±7	112%	0,41±0,02
6-5	181±3	110%	0,39±0,01
11-1	187±7	107%	0,38±0,02
45-2	189±8	106%	0,37±0,02
19-4	191±5	105%	0,37±0,01
79-6	203±7	100%	0,35±0,01
82-4	203±3	99%	0,34±0,01
WT	202±6	100%	0,34±0,01

Ejemplo 14: La expresión constitutiva de AtbHLH39 en *Arabidopsis* da como resultado rendimiento aumentado de semillas con relación a un control de tipo salvaje después de estrés térmico

20 Se cultivan plantas (tiestos de 3 x 3 pulgadas (7,5 x 7,5 cm)) en condiciones óptimas en una cámara de crecimiento (22°C, 18 horas de luz de 200 µE, 60% humedad relativa) hasta floración. Todas las plantas en floración se dividen en dos grupos, de los cuales el primer grupo se expone a estrés térmico (todas las plantas producían flores al cabo de un par de días) y el segundo grupo se mantiene en condiciones óptimas hasta la maduración. El tratamiento de estrés térmico consiste en una exposición diaria a 45°C. Las temperaturas se elevan desde 22 a 45°C durante un periodo de 1 hora y se mantienen a 45°C durante un periodo de tiempo de 2 a 3 horas. Se aplican tratamientos diarios de estrés térmico durante un periodo de 10 días. Después de los tratamientos de estrés térmico, las plantas se llevan de nuevo a condiciones óptimas y se cultivan hasta maduración. Todas las plantas se cosechan una vez maduras y se determina el rendimiento final de semillas por tiesto. Por comparación del rendimiento (como % del óptimo) de las plantas transgénicas con el de WT, se calcula el grado de protección del rendimiento.

30

**Tabla 7:** CUADRO DE REFERENCIA DE LA IDENTIFICACIÓN DE SECUENCIAS

ESPECIE	SEQ ID NO:	bHLH	Referencia	Tipo de secuencia	Longitud
ARABIDOPSIS THALIANA	1	bHLH39	AT3G56980	nucleótido	777
AVENA SATIVA	2	bHLH39	CN817002	nucleótido	222
BRACHYPODIUM DISTACHYON	3	bHLH39	super_13.506_gen	nucleótido	2091
BRACHYPODIUM DISTACHYON	4	bHLH39	super_13.506_cds	nucleótido	729
BRASSICA NAPUS	5	bHLH39	EE515575	nucleótido	587
BRASSICA NAPUS	6	bHLH39	TC84782	nucleótido	595
BRASSICA NAPUS	7	bHLH39	TC88840	nucleótido	631
BRASSICA RAPA	8	bHLH39	Contig2	nucleótido	693
GLYCINE MAX	9	bHLH39	TC269627	nucleótido	723
HORDEUM VULGARE	10	bHLH39	AK251746	nucleótido	738
PANICUM VIRGATUM	11	bHLH39	Contig2	nucleótido	723
SOLANUM LYCOPERSICUM	12	bHLH39	DV105842	nucleótido	351
TRITICUM AESTIVUM	13	bHLH39	TC358765	nucleótido	714
TRITICUM AESTIVUM	14	bHLH39	TC343683	nucleótido	617
TRITICUM AESTIVUM	15	bHLH39	TC300244	nucleótido	434
TRITICUM AESTIVUM	16	bHLH39	CA618726	nucleótido	261
ZEA MAYS	17	bHLH39	TC429418	nucleótido	228
ARABIDOPSIS THALIANA	18	bHLH39	AT3G56980	proteína	258
AVENA SATIVA	19	bHLH39	CN817002	proteína	158
BRACHYPODIUM DISTACHYON	20	bHLH39	super_13.506_ORF	proteína	242
GLYCINE MAX	21	bHLH39	TC269627	proteína	241
HORDEUM VULGARE	22	bHLH39	AK251746	proteína	246
PANICUM VIRGATUM	23	bHLH39	Contig2	proteína	241
SOLANUM LYCOPERSICUM	24	bHLH39	DV105842	proteína	117
TRITICUM AESTIVUM	25	bHLH39	TC358765	proteína	238
TRITICUM AESTIVUM	26	bHLH39	TC343683	proteína	206
TRITICUM AESTIVUM	27	bHLH39	TC300244	proteína	144
TRITICUM AESTIVUM	28	bHLH39	CA618726	proteína	87

ES 2 560 806 T3

<b>ESPECIE</b>	<b>SEQ ID NO:</b>	<b>bHLH</b>	<b>Referencia</b>	<b>Tipo de secuencia</b>	<b>Longitud</b>
ARABIDOPSIS THALIANA	29	bHLH38	AT3G56970	nucleótido	762
BRASSICA NAPUS	30	bHLH38	TC95626	nucleótido	753
BRASSICA OLERACEA	31	bHLH38	AM061155	nucleótido	765
BRASSICA RAPA	32	bHLH38	EX134222	nucleótido	435
CICER ARIETINUM	33	bHLH38	FE670123	nucleótido	300
HORDEUM VULGARE	34	bHLH38	TC164142	nucleótido	501
HORDEUM VULGARE	35	bHLH38	BAF30424.1	nucleótido	759
MEDICAGO TRUNCATULA	36	bHLH38	TC127269	nucleótido	767
MEDICAGO TRUNCATULA	37	bHLH38	TC115041	nucleótido	780
MEDICAGO TRUNCATULA	38	bHLH38	AJ496888	nucleótido	300
PANICUM VIRGATUM	39	bHLH38	Contig1	nucleótido	690
POPULUS	40	bHLH38	TC89850	nucleótido	549
POPULUS	41	bHLH38	EEF05011.1	nucleótido	795
POPULUS	42	bHLH38	EEE91492.1	nucleótido	474
RICINUS COMMUNIS	43	bHLH38	EEF30834	nucleótido	774
RICINUS COMMUNIS	44	bHLH38	EEF30835	nucleótido	555
SOLANUM LYCOPERSICUM	45	bHLH38	TC194645	nucleótido	717
SORGHUM BICOLOR	46	bHLH38	TC117663	nucleótido	642
TRITICUM AESTIVUM	47	bHLH38	TC337566	nucleótido	672
TRITICUM AESTIVUM	48	bHLH38	CA650144	nucleótido	390
TRITICUM AESTIVUM	49	bHLH38	CA502657	nucleótido	459
VIGNA UNGUICULATA	50	bHLH38	FF388259	nucleótido	732
VITIS VINIFERA	51	bHLH38	CAO17950.1	nucleótido	1563
VITIS VINIFERA	52	bHLH38	CAN79614	nucleótido	735
ARABIDOPSIS THALIANA	53	bHLH38	AT3G56970	proteína	253
BRASSICA NAPUS	54	bHLH38	TC95626	proteína	251
BRASSICA OLERACEA	55	bHLH38	AM061155	proteína	255
BRASSICA RAPA	56	bHLH38	EX134222	proteína	145
CICER ARIETINUM	57	bHLH38	FE670123	proteína	100

ES 2 560 806 T3

ESPECIE	SEQ ID NO:	bHLH	Referencia	Tipo de secuencia	Longitud
HORDEUM VULGARE	58	bHLH38	TC164142	proteína	167
HORDEUM VULGARE	59	bHLH38	BAF30424.1	proteína	252
MEDICAGO TRUNCATULA	60	bHLH38	TC127269	proteína	246
MEDICAGO TRUNCATULA	61	bHLH38	TC115041	proteína	260
MEDICAGO TRUNCATULA	62	bHLH38	AJ496888	proteína	100
ORYZA SATIVA	63	bHLH38	NP_001045424.1	proteína	247
PANICUM VIRGATUM	64	bHLH38	Contig1	proteína	230
POPULUS	65	bHLH38	TC89850	proteína	183
POPULUS	66	bHLH38	EEF05011.1	proteína	264
POPULUS	67	bHLH38	EEE91492.1	proteína	158
RICINUS COMMUNIS	68	bHLH38	EEF30834.1	proteína	257
RICINUS COMMUNIS	69	bHLH38	EEF30835.1	proteína	184
SOLANUM LYCOPERSICUM	70	bHLH38	TC194645	proteína	239
SORGHUM BICOLOR	71	bHLH38	TC117663	proteína	214
TRITICUM AESTIVUM	72	bHLH38	TC337566	proteína	224
TRITICUM AESTIVUM	73	bHLH38	CA650144	proteína	130
TRITICUM AESTIVUM	74	bHLH38	CA502657	proteína	153
VIGNA UNGUICULATA	75	bHLH38	FF388259	proteína	244
VITIS VINIFERA	76	bHLH38	CAN64266.1	proteína	245
VITIS VINIFERA	77	bHLH38	CAO17950.1	proteína	520
VITIS VINIFERA	78	bHLH38	CAN79614.1	proteína	244
ARABIDOPSIS THALIANA	79	bHLH101	AT5G04150	nucleótido	723
BRASSICA OLERACEA	80	bHLH101	AM060621	nucleótido	546
BRASSICA RAPA	81	bHLH101	Contig1	nucleótido	678
ORYZA SATIVA	82	bHLH101	CI296230	nucleótido	261
ORYZA SATIVA	83	bHLH101	TC345105	nucleótido	450
ARABIDOPSIS THALIANA	84	bHLH101	AT5G04150	proteína	240
BRASSICA OLERACEA	85	bHLH101	AM060621	proteína	182
BRASSICA RAPA	86	bHLH101	Contig1	proteína	226

ES 2 560 806 T3

<b>ESPECIE</b>	<b>SEQ ID NO:</b>	<b>bHLH</b>	<b>Referencia</b>	<b>Tipo de secuencia</b>	<b>Longitud</b>
ORYZA SATIVA	87	bHLH101	CI296230	proteína	87
ORYZA SATIVA	88	bHLH101	TC345105	proteína	150
ARABIDOPSIS THALIANA	89	bHLH100_2	AT2G41240.2	nucleótido	726
ARABIDOPSIS THALIANA	90	bHLH100_1	AT2G41240.1	nucleótido	729
ORYZA SATIVA	91	bHLH100_1	TC340917	nucleótido	621
PANICUM VIRGATUM	92	bHLH100_1	FL920216	nucleótido	711
SORGHUM BICOLOR	93	bHLH100_1	TC113263	nucleótido	732
TRITICUM AESTIVUM	94	bHLH100_2	TC317240	nucleótido	417
TRITICUM AESTIVUM	95	bHLH100_1	TC303529	nucleótido	705
TRITICUM AESTIVUM	96	bHLH100_1	CD865039	nucleótido	691
ZEA MAYS	97	bHLH100_1	TC409749	nucleótido	465
ARABIDOPSIS THALIANA	98	bHLH100_2	AT2G41240.2	proteína	241
ARABIDOPSIS THALIANA	99	bHLH100_1	AT2G41240.1	proteína	242
ORYZA SATIVA	100	bHLH100_1	TC340917	proteína	207
PANICUM VIRGATUM	101	bHLH100_1	FL920216	proteína	237
SORGHUM BICOLOR	102	bHLH100_1	TC 113263	proteína	244
TRITICUM AESTIVUM	103	bHLH100_2	TC317240	proteína	139
TRITICUM AESTIVUM	104	bHLH100_1	TC303529	proteína	235
ZEA MAYS	105	bHLH100_1	TC409749	proteína	155

**Secuencias**

>SEQIDNO:1

ATGTGTGCATTAGTACCTCCATTGTTTTCCAACTTTGGGTGGCCATCAACGGGAGAGTACGACAGCTACTACCTCGC  
CGGAGATATCCTCAACAACGGCGGGTTTTCTTGATTTTCCGGTACCGGAGGAGACTTATGGAGCTGTTACAGCGGTGA  
CTCAACATCAGAATAGCTTTGGTGTCTGTTTCGTCGGAGGAAATGAAATAGACAACAATCCGGTGGTTCGTCAAG  
AAGCTTAATCACAATGCTAGTGAGCGTGACCGTCGCAGGAAATTAACCTTTGTTCTCATCTCTCCGTTTCATGTCT  
TCCTGCCTCTGGCCAATCGAAGAAGCTAAGCATTCTGCGACGGTTTTCTCGAAGCTTGAAGTACATACCAGAGCTGC  
AAGAGCAAGTGAAGAAGCTAATAAAAAAGAAGGAAGAGCTCTTGGTGCAAATTTTCAGGTCAAAGAACTGAATGT  
TACGTTAAGCAGCCACCAAGGCCGTCGCGAATTATATCTCGACCGTTTCTGCGACTAGGCTTGGTGACAACGAAGT  
GATGGTCCAAATCTCATCGTCCAAGATTCTAATACTTTTCGATATCTAATGTTTTAAGTGGGTTAGAAGAAGATAGGT  
TTGTTCTTGTGGACATGCATCTTCAAGGTCTCAAGGAGAAAGGCTTTTCTACACTTTGCATTTACAAGTGGAGAAG  
ATTGAAAATTACAAGTGAATTGCGAAGAGTTAAGTCAGAGGATGTTGTACTTGTATGAGGAATGTGGAACTCATA  
TATATGA

>SEQIDNO:2

GCACGAGGCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACAGCAAGAAGCTGAGCATCCCCATCACTGTGACGC  
GGGTGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACACGCTGGAGAAGAAGAAGGAAGAGCTGACCCAGGCG  
AACTGCAAACCAGGAGTTGTGGCCATGAAGGAGAACACGGCTCCGATCGTGTCCGCCACCTGCCTCGA

>SEQIDNO:3

ATGGGGCACAAGCAGCTGTTTCGTGGACGACCCGTTTCGGAGCAGCATCTCGTCTCTGGAGGCGGAGGCCATCTTCTC  
CGGCGCCGGCGGGCAGTGGCGCGCCGGCGGGCCCTCGACGACCGTGACCTCTCCGCCATGCCGGCGGGCGGCAACA  
CCTCGTTCGGGCGGCTCCGGCTCTCCCGGGCGGCGGCGGAGGAAAGATGAGCCACAACCGGTACGAGCGCGACCCGCGC  
AAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACCGGACACACCGTATGCAAATCAAATTG  
AAGCCATAGATCATAATTTGATCCTGAATCCTGATGGATCTGGTGATGATTTGACTAATTGCAGAAGAAGCTGAGCA  
TCCCGATCACAGTGTGCGGGTGTAAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGGAAGTGGACGGGCTGGAGAGGAAGAAG  
GAGGAGCTGACGCGCGCCAACTGCAAGCCCGGGGTGATCGCCATGAAGGACCAGAACGTTGCTCCCGTCTGCTCCGC  
GACCTGCCTCGACGACAAGGACATCATGGTTTCAGGTTCAGCTTGGCTCAGCGGCATGGCGGGCGGGCTCTGCCGATGT  
CCACGTGCATAAAGATTTGAGAAACGAAGGCTTTCGCTCGTTCAGCTCGTCCACTTCTGCCCTTTGGGAACAGGACG  
TTCTATAACCTCCATCTTCAGGTAATTGGTACATCTGTCTGCATGAAGCCTTAATTTCCCTATTGGTAATTATCAATG  
TCATCGATCCATGCTTGTGCGATTCAATTTGGCAAATTTGCCTCATACTTACTCGACATCGTAGTAGAAGAGAAGGA  
AAAAAAAAAGCCAGCATTTTCTTTGAGAAACAAAGCACAACATTTTCTGCTCCCAAGATCCATTCGAAAGCCGG  
GTGCACAACACTACGAGTAAAAATCGTTTCTTCTAGTTATATAACGTGTGGTACCTTCAACTTAAATGAGCATCAG  
TTGATGCAGAGTGGTACCCTGTTTCGAAAAGACTTCAACATGGCACCATCTTCACTAGAGGTCCCCAGCCCCATA  
TTCAGACGAAGGCATCATTTTAGTCCATTAACCCCGTAGGTTGAGATTACAAAGGCTAGATTTATATAACGGTTTT  
GCTATTTCTAAGGCGACTGAGAAAATAGTATTTCTAACAACCATTTGATCCAATCACTGAGATTCGTGCAAGATCCA  
TACATATACAAAGTATTAGAAAACCTTAATCGGATGGATATGATCGTTGACTGAGAAATAGACTTCTTTTATGTA  
AAGGGTGTTTACTATATATATGTGGGTTTTGATATACTCATATTGAATAGATTTGAAGATCATGTCAGGCCCTACTT  
AGGGTAATCTGTTGTGAAATTAACCTGTGTTTCATAGGGCAAAAACATTGCTTTATAAATCAGCACAAAATCAACGAA  
TTGGGAGTTTTTACGTAACAAAATATAAATTTGTAGCAACACAAATTAATTGGCTACAATACAATCCAAGAACAACAAG  
ACGAGTATACACGGCAAACGATCATGCATATGGTGAGTTGGTGACCAGATCACCCGCTCTACTAGATGCTCCTAGAT  
GCATATGGTGCCATAATTTAGGAAAACCGAACGGAAGAAGCACCTAAAAACGAGTATGAAATCATCAATCGACC  
AAGATTAGAGGTCCGTCTCATCATCGACAACATGAACAATTAAGATGCATGCTGGAGAACAGATAATCTAACACAGC  
CACAGGTTTATTACAAAAAGCTTAACAGAAACTTCGCTAAAGCAACCAAGAATGAGAACAATAAATATATCTTCT  
AATAACATGTGTGTGCTGTTGTATAGCATCTGAAGGCGTAATGCGAAACTCTAATTTATCTGAAGTATGTAGTGTCT  
ATATGCTTATATAACATGTAATAAGCAATATATATTCATTAATTTCAATTTAATTTGTATACGAAACAGAGAAACC  
AGCGAACGATGAGCAAGGAGTGCCAGCGTTCTGTGACGAGCTGGAGAAAGCCATCAAGAAAAAGGCAGGACTGCAT  
ATGCATCAGTGA

>SEQIDNO:4

ATGGGGCACAAGCAGCTGTTTCGTGGACGACCCGTTTCGGAGCAGCATCTCGTCTCTGGAGGCGGAGGCCATCTTCTC  
CGGCGCCGGCGGGCAGTGGCGCGCCGGCGGGCCCTCGACGACCGTGACCTCTCCGCCATGCCGGCGGGCGGCAACA

CCTCGTCGGGCGGCTCCGGCTCTCCCGGGGGGGGGCAGGAAGATGAGCCACAACGCGTACGAGCGCGACCGCCGC  
AAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCGACGCCGACCACCCAAGAAGCTGAGCATCCC  
GATCACAGTGTGCGGGGTGCTAAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGGAAGTGGACGGGCTGGAGAGGAAGAAGGAGG  
AGCTGACGCGCGCCAACTGCAAGCCCGGGGTGATCGCCATGAAGGACCAGAACGTTGCTCCCGTCTGCTCCGCGACC  
TGCCTCGACGACAAGGACATCATGGTTCAGGTCAGCTTGCCTCAGCGGCATGGCGGGGGGGCTCTGCCGATGTCAC  
GTGCATAAAGATTCTGGAGAACGAAGTCTTCGCCTCGTCAGCTCGTCCACTTCTGCCTTTGGGAACAGGACGTTCT  
ATAACCTCCATCTTCAGAGAAACCAGCGAACGATGAGCAAGGAGTGCCAGCGTTCTGTGACGAGCTGGAGAAAGCC  
ATCAAGAAAAAGGCAGGACTGCATATGCATCAGTGA

>SEQIDNO: 5

AAAAAAAAATTAGAAAAGAAGAAAAGAGTTTATCGGGTCTCTCTCACGAGTCACGGCGTCGACGAAACTGGAGGTGA  
AGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCACTCCTGCAATATCTACTCCGACGCTGTCGTCGTTAATT  
TCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTGCGAGCTGTCACTGTCCATGCAACGAATAAATACTCT  
GTGTCTGCATCGCTTTGACAGTGTCTGGTGTCTTATGATATGTCTCCGGTTTATGCTTTGCCAGATTCCGGAAGA  
AGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTCTACAGTTTGCATCTTCAA  
TGGGAAACATAAATAATCACGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATACTTGTATGAGGAATGCGGAA  
ACTCGTTTATGATGATAATCTGTTCTTGTCTTTTAGTTATGTCATCTGTTTCTCAACATGTAACATTTCATGTAGCC  
GAGTTGTTTCGTTTATTTTCTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCGC

>SEQIDNO: 6

GACGGCGTCGACGAAACTGGAGGTGAAGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCCACTCCTGCAATAT  
CTACTCCGACGCTGTCGTCGTTAATTTTCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTAAGCCCTAGGT  
CTGATTTGCTTTTCTTTTAAATCGACGAAATTTGAAATTTGTGCGAGCTGTCACTGTCCATGCAACGAATAAATACTC  
TGTGTCTGCATCGCTTTGACAGTGTCTGGTGTCTTATGATATGTCTCCGGTTTATGCTTTGCCAGATTCCGGAAG  
AAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTCTACAGTTTGCATCTTCAA  
ATGGGAAACATAAATAATCACGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATACTTGTATGAGGAATGCGGAA  
AACTCGTTTATGATGATAATCTGTTCTTGTCTTTTAGTTATGTCATCTGTTTCTCAACATGTAACATTTCATGTAG  
CCGAGTTGTTTCGTTTATTTTCTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCACATTTAC

>SEQIDNO: 7

GACGACAAAAAAAAAATTAGAAAAGAAGAAAAGAGTTTATCGGGTCTCTCTCACGAGTCACGGCGTCGACGAAACT  
GGAGGTGAAGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCCACTCCTGCAATATCTACTCCGACGCTGTCGCT  
CGTTAATTTTCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTAAGCCCTAGGTGCGAGCTGTCACTGTCCA  
TGCAACGAATAAATACTCTGTGTCTGCATCGCTTTGACAGTGTCTGGTGTCTTATGATATGTCTCCGGTTTATGC  
TTTGCCAGATTCCGGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTC  
TACAGTTTGCATCTTCAAATGGGAAACATAAATAATCACGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATAC  
TTGTATGAGGAATGCGGAAACTCGTTTATGATGATAATCTGTTCTTGTCTTTTAGTTATGTCATCTGTTTCTCAAC  
ATGTAACATTTCATGTAGCCGAGTTGTTTCGTTTATTTTCTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCACATTTACATGCT  
ACTGAATATTGACTG

>SEQIDNO: 8

ACGACAAAAAAAAAATTAGAAAAGAAGAAAAGAGTTTATCGGGTCTCTCTCACGAGTCACGGCGTCGACGAAACTGGA  
GGTGAAGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCCACTCCTGCAATATCTACTCTGACGCTGTCGTCGCT  
TAATTTTCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTAAGCCCTAGGTCTGATTTGCTTTTCTTTTAA  
ATCGACGAAATTTGAAATTTGTGCGAGCTGTCACTGTCCATGCAACGAATAAATACTCTGTGTCTGCATCGCTTTGACA  
GTGCGTGGTGTCTTATGATATGTCTCTGGTTTATGCTTTGCCAGATTCCGGAAGAAGATGGGTTTGTCTTTGTT  
GATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTCTACAGTTTGCATCTTCAAATGGGAAACATAAATAATCA  
CGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATACCTGTATGAGGAATGCGGAAACTCGTTTATGATGATAATC  
TGTTCTTGTCTTTTGTGATGTCGTCGTTTCTCAACATGTAACATTTCATGTAGCCGAGTTGTTTTCGTTTATTTT  
CTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCACATTTACATGCTACTGAATATTGACTGATTACTATGAAATTTACTAATAT

>SEQIDNO:9

ATGGTTGCTTTGTTTTCCCTCCGGTGTTCACCAAGGGATGGTTCCTTAGAAGAAGAGCCATTAAGCTATGATGT  
 GTCTTCAGATTACTCATTTCCTATCAATTTTTGACCACAGACACAGATTGAACCTTGAATAGAAAGGTCCTCTG  
 CACCATCCCTGAAGACCCTGCCATGGTCAAAAAGCTTAGCCACAACGCTAGTGAACGTGATCGCCGCAAGAAGTT  
 AATGACTTGGTTCTTCACTTCGTTCACTTCTTCTGGGCCAGATCAAACGAAAAAATGAGCATTCCAGCTACAGT  
 TTCGCGAGTTTTAAAATACATACCTGAGTTACAACATCAAGTGAAGCACTAACTAAGAAAAAAGAGGAGCTTCTGT  
 GCAGAATTTCAAAAATCTCAAAGGAGATTCGGTGAACAAAGAATCTCAAAGGAGAATTTCCCATCACAAATTCTGAT  
 TTTGCTGTTTCAACTAGTAGGCTCAACGATTGGAAGCTGTTGTTACATTTCTCTTATGAGGCTCACAAAGCTCC  
 ACTATCCGACATCTTGAATGTTAGAAAATAATGGCCTTTATTTGCTAAATGCTTCTTCTCTGAACTTTTGGAG  
 GAAGGGTCTTCTACAATTGCAATTTCCAGGTGGAAAAAATCATAGATTAGAGTCCGAAATTTCTAACTGAGAAGCTT  
 TTGTCAATATATGAGAAGCAAAGGATTTTC

>SEQIDNO:10

ATGGGGCACCAGACCAGATGTTTCGACGACCCGTTTCGCGAGCAGTATGTCGTCCCTGGACGCAGACATCTTCTCCGT  
 CGCCGGCGGCTCCACCCATCGCAGTGGCCGGGACTCGACCAGCAGCTCTCGTGGCGCCGGCTGCCAACACGGCA  
 CCTCCTCCGGCGGCTACGGTCCCCGGGGGGCGGCGATGGCTCGGGCTCCCACCGCAAGATCAGCCACAACCGGTAC  
 GAGCGGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCGACTCCGATCACACCAA  
 GAAGCTGAGCATTCGGATCACGGTGTTCGCGGGTGTCAAGTACATCCCAGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGG  
 AGAAGAAGAAGGAGGAGCTTACGAGGGCCAGCTGCAAGCCAGGCGTATTGACCATGAAGGAGAACACGGTCCCGATC  
 GTGTCCGCCACTGCCTCGACGAAAGGGAGATCATGGTCCAGGTTAGCTTGGTGAGCACCATGGCCGGAGCTCTGCC  
 CATGTCCAAGTGCATCAAAGTGTGGAGAACGAAGGCCTCCGCCTCATCAGCTCGTCCACTTCTGCTTTCCAGAACA  
 GGACGTTCTATAGCCTCCATCTTCAAGAAACCAACGGACGATGAGCAAAGAGTGTCCGGCATTGTTGAAGAAGT  
 GAGAATGCCCTGACGCAGAAGCGGGACTACGTCTACATCACCAG

>SEQIDNO:11

ATGACCCCTTCTCGAGCAGCATCTCGTTCGTTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGCCAGCGGCGCGTCCGCC  
 GTGGCCGGACTCGAACTCGACCTCGACCTCGACGACGACGACATCCACGACCTTCCGCGCCGGCGGCAACGCCA  
 CCTCCTCAGGAGGCTATGGCTCGGGCGGAGGCTCCGGCGGCTCCCACAGGAAGCTCAGCCACAACCGGTACGAGCGC  
 GACCGCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCGAGCTGACCACACTAAGAAGCT  
 GAGCATCCCCACCACGGTCTCCCGAGTTCTCAAGTACATCCCAGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGGAGAGGA  
 GGAAGAAGGAGCTGACGAACGCCAACTGCAAAACAGGAGTTCTGAAGACGAGCCAGATTGTAACCTCCCATGTTTCT  
 GCTACCTGCCTCAACGATACGGAGATCATGGTTCAGGTCAGCTGCAGAGCAATGTGGCTGCCACAAGTCTTCTCT  
 GTCCAAGTGCATAAAAGTGTGGAGAACGAAGGCCTTCACTGATTAGTTTCATCACTTACTCCACCTTCGACAACA  
 GGACATTCTATAGCCTCCATCTTCAAGAAACGATGAAGGAGGAGTCCCGAGCATTCTGCGATGAAGT  
 GAGAGGATTATCAAGAAGAAAGCAGGGGCG

>SEQIDNO:12

ATGTTAGCCATTTCTTCTTCTCTCCTCTTTATTTCTACTACTACTAATAATTTGGTTGGCTTTTGAAGATCT  
 TATAAGCCATGAATTAACAAATAGTGGAGAACTTCAAATTCATCTCAAAAAAGCCTTCAACATTGTGATTCAAATA  
 AATTTGATCAAATTATTATCAACAGTGGTGATCAGTATCAACCTGATCAGACGGTTAAGAAGCTTAATCATAACGCA  
 AGTGAACGTGACCGTAGAAAGAAAATCAACAGCTTATATTCTTCTTCTCGTTCTTTACTACCTCCTCTGATCATA  
 GAAAAGCTAAGCATTCCATCAACAGTATCAAGAATTCTAAAG

>SEQIDNO:13

ATGGGGCACCAGCACCAGATGTTCAACGACCCCTTCGCGAGCAGCATGTCGTCACTGGAGGAAGACATGTTCTCCGG  
 TGCCGGAGGCTACCACCACCTCAGCCGTCCATGCAGTGGCCGGCTTGGATAACGACATACCGTCCGGCGCCGGCTG  
 CCAACAACGCCACCTCCTCCGGTGGCTCTGGATCACACCGCAAGATGAGTCACAACCGGTACGAACGTGACCGCCGC  
 AAGCAGTCAACGAGCAATATTCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCGACGATGATCACACCAAGAAGATGAGCATTCC  
 GACCAGGTGTTCGCGGGTGTCACTACATCCCAGGAGCTGCAGAAGGAGGTAGACCGCCTGGAGAAGAAGAAGGAGG  
 AGCTGAGGCGGGGAGCTGCGAGCAAGGCGCCATGAGGCAGAACACGGCCCGATCGTGTCCGCCACCTGCCTCGAC  
 GACAGGGAGATCATGGTCCAGGTGAGCCTGGTGGAGCACCATGGCCGGAGCTTGCCCATGTCCAAGTGCATCAAGGT

ES 2 560 806 T3

GCTGGAGAACCAAGGCCTTCGCCTCATAAATTCCTCGACTTCCGCGTTTCAGAACAGGACGTTCTACAGCCTCCATC  
TTCAGAGAACCCACGGACAATGAGCAAGGAGGGCCAAACATTTTGTAAACGAATTGGAGAACGCTGTGAAGCAAAA  
GCGGGACTACATCTACATCAT

>SEQIDNO:14

ATGGGGCACCAGCACCAGATGTTTCGAAGACCCGTTTCGCGAGCAGCATATCGTCGCTGGAGGCCGAGATATTCTCCGT  
CGCCGGCGGCCACCACCATACGCAGTGGCCGGGGCTCGACCACGACATCCCCTGGCCCCGGCTGCCAATAACGGCA  
CCTCCTCCGGCGGCTACGGCTCCCCGGGGGGCGGATGGCTCGGGCTCCCATCGCAAGATCAGCCACAACGCCTAC  
GAGCGCGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACACGAA  
GAAGCTTAGCATTCGGATCACGGTGTGCGGGGTGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGCCTGG  
AGAAGAAGAAGGAGGAGCTGACGCGCGCCAGTGAAGCCCGGCTGCTGACCATGAAGGGGGACACGGCTCCGATC  
GTGTCNCCACTGCCTCGACGACAGGGAGATCATGGTCCANNGTCAGCTGGTGAACCATGGGCGGAGTCTGCCA  
TGTCGAAGTGTCTAGGTGTGAGACGAAGGCTCGGCTCATAGTGTCTACTCCGGTTCAGACAGACTCTATATTATCT  
C

>SEQIDNO:15

ATGGGGCACCAGCACCAGATGTTTCGAAGACCCGTTTCGCGAGCAGCATATCGTCGCTGGAGGCCGACATCTTCTCCGT  
CGCCGGCGGCCACCACCATCCGCAGTGGCCGGGGCTCGACCACGACGTCCTCCGTTGGCGCCGGCTGCCAACAACGGCA  
CATCCTCCGGCGGCTACGGCTCCCCGGTGGCGGGCAGCGCTCGGGCTCCCACCGCAAGATCAGCCACAACGCCTAC  
GAGCGCGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACACGAA  
GAAACTGAGCATTCGGATCACGGTGTGCGGGGTGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGG  
AGAAGAAGAAGGAGGAGCTGACGCGCGCCAACTGCAGCCCGGCGTGTG

>SEQIDNO:16

AACAACGCCACCTCCTCCGGCGGCTCTGGATCACACCGAAAGATGAGTCACAACGCGTACGAGCGTGACCGCCGCAA  
GCAGCTCAACGAGCAATATTCTCCTCCGCTCCCCTCCCGATGACGACCACAATAAGAAGATGAGCATTCGGA  
CCACGGTGTGCGGGGTGATCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGGAGGTAGACGGCCTGGAGAAGAAGAAGGAGGAG  
CTGAGGCGGGCCAGCTACGAGCAAGCGCCA

>SEQIDNO:17

CGTGTCCCGAGTTCCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGGAGAGGAGGAAGAAGGAGCTGA  
CCAACGCCAACTGCAAGCCGGGAGTTCGAAAACCAACCAAGGCCGTAACCTCCATGTTTTCTGTACCTGCCTCAAC  
GACACGGAGATCATGGTTCAGGTGACCTGCACAGCGATGTGGCCGCCACAGCTCTCCCTCTCTCCAAGTGCAT

>SEQIDNO:18

MCALVPLPFPNFGWPSTGEYDSYYLAGDILNNGGFLDFPVPEETYGAVTAVTQHQNSFGVSVSSEGNEIDNNPVVVK  
KLNHNASERDRRRKINSLFSSLRSLPASGQSKKLSIPATVSRSLKYIPELQEQVKLIKKEELLVQISGQRNTEC  
YVKQPPKAVANYISTVSATRLGDNEVMVQISSKIHNFISINVLSGLEEDRFVFLVDMSSSRSQGERLFYTLHLQVEK  
IENYKLNCEELSQRMLYLYEECGNSYI

>SEQIDNO:19

RHEASLRSLLPDTHSKKLSIPITVTRVLKYIPELQKQVDTLEKKKEELTQANCKPGVVAMKENTAPIVSATCLDDR  
DIMVQVSLLSNMAGALPVSKCIKVLNEGLRLVSSSTSAFQNKTFYSLHVQRTQRTISKVCPAFCDLENAIKRAGM  
RLQQ

>SEQIDNO:20

MGHKQLFVDDPFASSISSLEAEAFSGAGGQWRAGGLDDRDLSAMPAAANTSSGGSGSPGGGRKMSHNAYERDRR  
KQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPITVSRVLKYIPELQKEVDGLERKKEELTRANCKPGVIAMKDQNVAPVVSAT

ES 2 560 806 T3

CLDDKDIMVQVSLLSGMAAAALPMSTCIKILENEGLRLVSSSTSFAFGNRTFYNLHLQRNQRRTMSKECPAFCDLELEKA  
IKKKAGLHMHQ

>SEQIDNO:21

MVALFSPVPVSTKGFLEEEPLSYDVSSDYSFPYQFFAPQTQIELEIERSSAPSPEDPAMVKKLSHNASERDRRKKV  
NDLVSSLRSLLPDPDQTKKMSIPATVSRVLKYIPELQHQVQALTKKKEELLCRISKNLKGDSVNKESQRRISHHNSD  
FAVTSRLNDCEAVVHISSYEAHKAPLSDILOCLENNGLYLLNASSSETFGGRVFYNLHFQVEKTHRLESEILTEKL  
LSIYEKQRIF

>SEQIDNO:22

MGHQTMFDDPFASSMSLDADIFSVAGGLHPSQWPLDHDVSLAPAANNGTSSGGYGSPPGGDGSGRKISHNAY  
ERDRRQQLNELYSDLRSLLPDSDHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRASCCKPGVLTMKENTVPI  
VSATCLDEREIMVQVSLVSTMAGALPMSKCIKVLNEGLRLISSSTSFAFNRTFYSLHLQRTQRTMSKECPAFCEEL  
ENALTQKAGLRLHHQ

>SEQIDNO:23

MTPSRAASRRWRRTSSPPAASGASPPWPDLELDLDDDDIHDLSAPAANATSSGGYGSPPGGDGSGRKLSHNAYER  
DRRQQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLKTSQIVTPIVS  
ATCLNDTEIMVQVSLQSNVAATSLPLSKCIKVLNEGLHLISSSTYSTFDNRTFYSLHLQRSQRTMKEECPAFCEDEL  
ERIKKKAGA

>SEQIDNO:24

MLAISSSSPPLFSTTTNFGWLEDLISHELTNSGETSNSSQKSLQHCDNSNKFDQIIINSGDQYQPDQTVKKLNHNA  
SERDRRKKINSLYSSLRSLLPDSDHTKKLSIPTVSRILK

>SEQIDNO:25

MGHQHQMFNDPFASSMSLEEDMFGAGGYHHLTPSQWPLDNDIPSPAANATSSGGYGSPPGGDGSGRKMSHNAYERDRR  
KQLNEQYSSLRSLLPDDHTKKMSIPTVSRVINIPELQKEVDRLKKEELRRGSCEQGAMRQNTAPIVSATCLD  
DREIMVQVSLVSTMAGALPMSKCIKVLNQGLRLINSSTSFAFNRTFYSLHLQRTQRTMSKEGQTFCNELENAVQKQ  
AGLHLHH

>SEQIDNO:26

MGHQHQMFEDPFASSISSLEAEIFSVAGGHHHTQWPLDHDIPPLAPAANNGTSSGGYGSPPGGDGSGRKISHNAY  
ERDRRQQLNELYSDLRSLLPDTHHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRASCCKPGVLTMKGDTAPI  
VSXHCDDREIMVXXQLVSTMGVCHVKCSGAETKARLIVVTPVQTDSEIFIS

>SEQIDNO:27

MGHQHQMFEDPFASSISSLEADIFVAAGHHHPQWPLDHDVPLAPAANNGTSSGGYGSPPGGDGSGRKISHNAY  
ERDRRQQLNELYSDLRSLLPDTHHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRANCS PAC

>SEQIDNO:28

NNATSSGGYGSGRKMSHNAYERDRRQQLNEQYSSLRSLLPDDHKKMSIPTVSRVIKYIPELQKEVDGLEKKKEE  
LRRASYEQAP

>SEQIDNO:29

ATGTGTGCATTAGTCCCTTCATTTTTCACAACTTCGGTTGGCCGTCAACGAATCAATACGAAAGCTATTACGGTGC  
CGGAGATAACCTAAATAACGGCACATTTCTTGAATTGACGGTACCACAGACTTATGAAGTGACTCATCATCAGAATA  
GCTTGGGAGTATCTGTTTCGTCAGAAAGAAATGAGATAGACAACAATCCGGTTGTGGTCAAGAAGCTTAATCACAAT

ES 2 560 806 T3

GCTAGTGAACGTGACCGACGCAAGAAGATCAACACTTTGTTCTCATCTCTCCGTTTCATGTCTCCAGCTTCTGATCA  
ATCGAAGAAGCTAAGTATTCCTGAAACGGTTTCAAAGAGCTTAAAGTACATACCAGAGCTGCAACAGCAAGTGAAGA  
GGCTAATACAAAAGAAGGAAGAAATTTTGGTACGAGTATCGGGTCAAAGAGACTTTGAGCTTTACGATAAGCAGCAA  
CCAAAGGCGGTTCGCGAGTTATCTCTCAACGGTTTCTGCCACTAGGCTTGGTGACAACGAAGTGTGGTCCAAGTCTC  
ATCGTCCAAGATTACATAACTTTTCGATATCAAATGTGTTGGGTGGGATAGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGGATG  
TTTCATCATCAAGATCTCAAGGAGAGAGGCTCTTCTACACTTTGCATCTTCAAGTGGAGAATATGGATGATTACAAG  
ATTAATTGCGAAGAATTAAGTGAAGGATGTTGTACTTGTACGAGAAATGTGAAAACCTCGTTTAACTAG

>SEQIDNO: 30

ATGTGTGCATTAGTCCCTCCATTGTTCCCAAACTTTGGGTGGCCGTCGACAGGAGAGTACGAGAGTAACCTACCTGGC  
CGGAGTGAACCTCGAGGACTTTACGTTTCTTGATTTTCCGGCACCAGAGACATATGGAGTGAACATCATCAGGAGA  
TTCAGGAAATGTTGGGGTCTCTGTTCCGTCAGGGGAATGGAGTTGTAACCAAGAAGCTTAATCACATGCTAGT  
GAGCGTGACCGTCGCAAGAAGATCAACTCTTTGTTCTCGTCTCTCCGTTTCATGTCTCCAGCTTCTGATCAAACGAA  
GAAGCTAAGTATTCCTCAGACGGTTTCTCGGAGCTTGAAGTACATTCCAGAGCTGCAAGAGCAAGTGAAGAAGCTAA  
TACAAAAGAAGGAAGAACTCTTGGTGCAGATATCAGGTCAAAGAGCCATTGAACATTATGTTGAGCCGAGCCAAAG  
GCCGTTGCACGTTACGTTCTCGACCATTTCTGCGACTAAGCTTGGAGACAACGAAGTGTGGTCCAAATCTCATCGTC  
CAAGAATCATAACTTTTCGATATCTAATGTGTTGAGTGGGTTAGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCAT  
CTTCCAGGTATCATGAAAATGGCTCTTCTACTCTTTCATCTTCAAATGGGAAATAAAGATAATCACAACTGAAG  
TGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATTTGTACTTGTATGAGGAATGTGAAAACCTCATTAGA

>SEQIDNO: 31

ATGTGTGCATTAGTCCCTCCACTGTTCCCGACTTTGGGTGGCCGTCGACGGCAGGTTACGAGAGCTACTACCTCGG  
CGGAGAAAACCTCAACAACGACATGTTTCTTGATTTTCCGGTGTGGAAACTTATGGAGTATGGCTCATCATCAGA  
ACAGCTTAGGAGTTTCTGTTTCGTCGGAGGGAATGGAATAGACAACAACCCGGTTGTTAAAAGAAGCTTAATCAC  
AATGCTAGTGAGCGTGACCGTCGCAAGAAGATCAACTCTTTGTTGTCATCTCTCCGCTCATGCTTCCAACCTCAGA  
TCAATCGAAAAGCTAAGCATTTCAGCCACCGTTTCACGAAGCTTGAAGTACATACCAGAGTTGCAAGAGCAAGTGA  
AGAAGTTATTACAAAAGAAGGAAGAACTCTTGGTTCGAGTATCAGGTCAACGAGACATTGAACCTTACGTTAAGCCA  
CAACCAAGGCAATTGCAAGTTATGTTCTCCACTGTTTCCGCGACTAGGCTTGGAGACAACGAAGTGTGGTCCAAAT  
CTCATCATCCAAGATTCATAACTTCTCGATATCTAAAGTGTAACTGGGTTAGAAGAAGATGGTTTTGTCTTGTGG  
ATGTTTCATCTTCAAGGTTTCAAGGGGAAAGGCTTTTCTACACTTTGCATCTTCAAGTAGAAAATATGGATGATCAT  
TACAAAATGAATTGCGAAGAGTTAAGTGAAGGATGTTGTACTTGTACGAGGAATGTGAAAATNNNTTAG

>SEQIDNO: 32

ATTCCTCAGACGGTTTCTCGGAGCTTGAAGTACATACCAGAGCTACAAGAGCAAGTGAAGAAGCTAATACAAAAGAA  
GGAAGAAGCTTTGGTGCAGATATCAGGTCAAAGAGACATTGAACATTACGTTGAGCCGCACCCAAAGCCGTTGCAC  
GTTACGTTCTCGACATTTCTGCGACTAAGCTTGGAGACAACGAAGTGTGGTCCAAATCTCATGTTCCAAGAAATCAT  
AACTTTTCGATATCTAATGTGTTGAGTGGGTTAGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCAAGGTC  
TCATGGAGAAAGGCTCTTCTACACTTTGCATCTTCAAATGGGAAATAAAGATGATTACAACTGACATGCGAAGAGC  
TACCCAGAGAATGTTATACTTGTATGAGGAATGTGAAAACCTCGTTTAGA

>SEQIDNO: 33

ATTCCAACCTCCCTCACAAAGCCACAAGCAGCGACCTTAGCATGGTCAAGAACTTATCCGCAATGCTAGTGAACGAGA  
TCGCCGCAAGAAAATCAATACTTTGTATTCTTCACTTCGTTCACTTCTTCCGTGGCAGAACAGATGAAGAAGTTGA  
GCAATCCGGCAACAATTTACAGAGTCCATAAAGTACATACGTGAGTTACAGAAGCAGGTAGAAGGACTACTTACGAGA  
AAGGAGGCGATTTTATTGAAACTATCTCCAGAAGTAGATGAGGTGAAGAGTAAAGAATCTGAGAGGAAG

>SEQIDNO: 34

AGCGACCGCCGCAAGCAGCTCAACGAGCAATATTCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCGATGACGATCACAAATAAGAA  
GATGAGCATTCCGACCACGGTGTCCGGGTGATCAAGTACATCCCGGAGCTACAGAAGGAGGTGACGGTCTGGAGA  
AGAAGAAGGAGGAGCTCAGGCGAGCTAGCAGCGAGCAAGGCGTGCTGACTATGAGGCAGAACACGGCTCCTGTCTC  
TCCGCCACCTGCCCTGACGACAGGAAATCATGGTCCAGGTCACTGTTGGTGAGCACCATGGCCGCGAGCTTGCCCAT  
GTCCAAGTGCATCAAGGTGCTGGAGAACGAAGGCTTCCGCTCATAAATTCCTCGACTTCCGCGTTCCAGAACAGGA

ES 2 560 806 T3

CCTTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAACCCAACGAACAATGAGCAAGGAGGGCCAAACATTTTGTAACTGAG  
AACGCCGTGAAGCAAAGGCAGGACTGCATCTGCATCAT

>SEQIDNO: 35

ATGGGGCACCAGACCCAGATGTTTCGACGACCCGTTTCGGGAGCAGTATGTCGTCCTGGACGCAGACATCTTCTCCGT  
CGCCGGCGGCTCCACCCATCGCAGTGGCCGGGACTCGACCACGACGTCGCTGGCGCCGGCTGCCAACACGGCA  
CCTCCTCCGGCGGCTACGGCTCCCCCGGGGGCGGCGATGGCTCGGGCTCCCACCGCAAGATCAGCCACAACCGGTAC  
GAGCGGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACTCCGATCACACCAA  
GAAGCTGAGCATTCCGATCACGGTGTTCGCGCGTGTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGG  
AGAAGAAGAAGGAGGAGCTTACGCGGGCCAGCTGCAAGCCAGGCGTATTGACCATGAAGGAGAACACGGTCCCGATC  
GTGTCCGCCACCTGCCTCGACGAAAGGGAGATCATGGTCCAGGTTAGCTTGGTGGACCCATGGCCGGAGCTCTGCC  
CATGTCCAAGCGCATCAAAGTGTGGAGAACGAAGGCCTCCGCCTCATCAGCTCGTCCACTTCTGCTTCCAGAACA  
GGACGTTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAACCCAACGGACGATGAGCAAAGAGTGTCCGGCATTTTGTGAAGAAGCTG  
GAGAATGCCCTGACGCAAGGCGGGGTACGTCTACATCACCAGTAGATTATATGTAGCAGAATAA

>SEQIDNO: 36

ATGTTAGCGATATCTCCTCCTATGTTTTCAACAATTGGATGGCCCTTTGAGGAGCCTTTAAGCCATAACCAGCATCA  
GAATTCATTCTACAAGACACTGTTGATCAATTAATTTTTCATGATCAAGTTGAGGCAGAAATTAATTCACAG  
ATCCCTCACAATCCACAAGCAGTGACCTTAGCATGGTCAAGAAGCTTGTTCATAATGCCAGTGAACGCGATCGCCG  
AAGAAGATCAATAATTTGTATTTCATCACTTCGATCACTCCTCCTGTTTCTGATCAAATGAAATTAAGCATTCCGGG  
AACAAATTTCTAGAGTCTGAAATACATACCTGAATTACAGAATCAAGTAGAGGGACTAATTAAGAGAAAGGATGAGA  
TCTTATGGGACTTTCTCCACAAGTAGAAGAGTTTATTCCTAAGCAAAGAAATCTCAAAGGAAGAAGCATAGTTACAC  
TCTGGTTTTGTAGTTTCAAGTAGTAGGCTCAATGATAGTGAATTAACATTCAGATTTTCATGTTTACTGTCCAAA  
GATTCACCTTTCTGAGATCTTGATTTGTTTGGAAAATGATGGCCTTTTGTGCTTAATGTTTCTTCATCAAAGACCT  
TTGGAGGGAGGGTCTTCTATAAATTTGCATTTCCAGGTGGATAAAACACAGATATTAGAATCTCATATCTAAATGAG  
AAGCTCTTATCAATAATGGAGAAGGAAGGAGAGTTTTTAAACAATAATTAAGTTTAGGATTTGGCTCTTTAA

>SEQIDNO: 37

ATGGTTGCATTCTGCCACCTCAGTTCCTCATACTCAAACATGGGATGGCTCTTAGAGGAGTTAGAGCCAGAGTCCTT  
AATTAGTCATAAAGAGAAGAACTATGCATCTTTAGAGTACTCGTTACCGTATCATCAATCTCTTACCACAAAGGAAC  
ATGTTGAAATGAAAGGCCACCATCCCCTAACTTATGGCCAAGAACTTAACCACAATGCTAGTGAACGTGATCGC  
CGAAGAGATTAATAGCTTGATTTCTTCACTTCGTTCACTTCTTCCCGTGAAGATCAAACGAAAAAATGAGCAT  
TCCGGTAAACAATTTACAGTGTCTTAAAATACATCCCTGATTTACAAAAGCAGGTGCAAGGACTTACCAAGAAAAAG  
AAGAGCTTCTATCAAGAATTTCTCATCGACAAGAATATGCAGTTAACAAGAATCACAAAGGAAGAAAATTTCAAAT  
TACAATCTGCTTTTGTAGTTTCAACAAGTAGGCTTAATGATACTGAGCTTGTATTTCATATTTCTGCTTATGAGGC  
CAACAAGATTCTCTATCTGAGATCTTGATGTGTTTAGAAAATAATGGTCTTCTTCTACTTAACTTCTTCTTCTA  
AAACCTTTGGAGGGAGGCTCTTCTATAACTTGCATTTTCAGGTGGATAAAACTCAAAGATATGAGTGTGATGATCTG  
ATTCAAAGCTTTCTCAATATATGAGAAGCAGCAAAATAATCATTGGGCACTATGGATCAAACGATCAATAGTGG  
TCTGATATAT

>SEQIDNO: 38

ATGTTAGCGATATCTCCTCCTATGTTTTCAACAATTGGATGGCCCTTTGAGGAGCCTTTAAGCCATAACCAGCATCA  
GAATTCATTCTACAAGACACTGTTGATCAATTAATTTTTCATGATCAAGTTGAGGCAGAAATTAATTCACAG  
ATCCCTCACAATCCACAAGCAGTGACCTTAGCATGGTCAAGAAGCTTGTTCATTATGCCAGTGAACGCGATCGCCGC  
AAGAAGATCAATAATTTGTATTTCATCACTTCGATCACTCCTCCTGTTTCTGATCAAATGGTACTTAAT

>SEQIDNO: 39

ATGGAGCACCAGCTGTTTCGATGACCCCTTCTCTAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG  
CCAGTGCCTCGCCGCGGTGGCCGGACCTCGACCTCGACCTCGACGACGACATCCACGACCTCTCCGCGCCGA  
CCGGCAACCCACCTCCTCAGGAGGCTATGGCTCGGGCGGAGGCTCCGGAGGCTCCACAGGAAGCACAGCCACAAC  
GCGTACGAGCGCGACCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACGCTGACCA  
CACTAAGAAGCTGAGCATCCCCACCAGGCTCCTCCGAGTTCCTCAAGTACATCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACA

ES 2 560 806 T3

ACCTGGAGAGGAGGAAGAAAGAGCTGACGAACGCCAACTGCAAACCAGGAGTTCTGAACACGAGCCAGATTGTAAC  
CCCATTGTTTCTGCTACTTGCCTCAACGATACGGAGATCATGGTTCAGGTCAGCCTGCACAGCAACGTGGCTGCCAC  
AAGTCTTCCTCTGTCCAAGTGCATAAAAAGTGATGGAGAATGAAGGCCCTCACCTAATTAGTTCATCAACTTACTCCA  
CCTTCGACAACAGGACATTCATATAGCCTCCATGTTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAAGAGGAGTGCCCA

>SEQIDNO: 40

ATGGTCAAGAACTTAGCCACAACGCTAATGAACGTGACCGTCGCAAGAAGATTAAAAGTTTGTATTCTTCACTTCG  
TTCACCTTCTCCCAGCAGCAGATCAAATGAAGAAATTAAGCGTGCCGGCCACTGTTTCACGTGCGCTTAAGTACCTAC  
CAGAGCTTCAACAGCAAGTGGAGAGACTGGTTCAAAGAAAGGAGGAGCTTTTATCAAAGTTATCAAAGCAAGGTGGT  
ATAATTTCATCAAGAAAAACAAGAAATGACACCGTGTATAGCTCTTTATCATCGGTATCGGCAAGCCAGCTTAGTGA  
TAGAGAAGTTGTCGTTTCAATTTCCACTTACAAGAACCATAAAAAGTCCATTATCAGAAATCTTGCTCACCTTAGAGG  
AAGATGGACTTGTCTAAAAAAGTCTTCTTCTTTGAGTCATTTGGGGACAGGGTCTTCTATAATTTACATCTTCAG  
GTCATGGAAGGAACCTTACACATTGGATAGTGAGGCCATGAGGGCGAAGCTTGTGTCTTTATCTGTAAAGAGGGAATC  
ATCGTCTCTA

>SEQIDNO: 41

ATGTTAGAAGAATTATCTCCCATCAGTTTGTCTCAACATTTGGATGGCCCTTGGAGGAAGCCATAAGCCATGAACA  
GCACCTCAGCTTTAGAGATGGTGAAGTCCAGAGTCAATTTACTCATTCCCTCCATCTCAGCCAGATGTAAGACAGC  
TTGATCGCTCCACATCATTCACGGCCCCAGTGGAAAGCGGTGACCCTAGCATGGCTAAGAAGCTTAACCACAACGCT  
AGCGAACGTGACCGTCGCAAAAAGATCAACAGTGTGTATCTTCACTCCGTTCACTACTTCTGACGCGGATCAAAG  
GAAGAAATTAAGCATACCGTATACAGTTTACAGTGTGCTTGTATACATACCAAAAACCTCAACAACAAGTGGAGAGAC  
TGATTCAAAGGAAGGAGGAGCTTCTATCGAAGTTATCTAGGCAAGCTGACGATTTAACTCATCAAGAAAAACAAGA  
AAAGGCACCATGTATAGCTCTTTATCATCGGTATCGGCGAGCCGGCTCAGTGACAGGGAAGTTGTCTATCATATCTC  
AACTAAACAAGCTCCATAGAAGTTCATTATCAGAAATCTTGGTTAATTTAGAGGAGGCTGGACTTCTTCTACTAAAT  
CTTCTTCTTCGAGTCCCTTTGGAGGCAGAGTCTTCTATAATTTACACCTTCAGGCCATGGAAGGAACCTTACACAGTA  
GAGTGGAGGCCTTGAATGAGAGGCTTGTGTCTTGTGCGAGAAGAGGGAGTCATTGTTCCATTAATTCAGTTTC  
TCCATATCTAACTGTGTATTCTAG

>SEQIDNO: 42

GATCCTAACATGGTTAAGAAGCTTAACCACAACGCTAGCGAACGTGATCGTCGCAAGAAGATCAACAGTTTGTATTC  
TTCACCTCCGTTCACTTCTTCCAGCTTCCGATGGAATGAAGAAATTAAGCATACCGTCCACAATTTACGTTGTGCTTA  
AGTACATACCAGAACCTCAACAGCAAGTGGAGAGACAGATCCAAAGGAAGGAGGAGCTTCTATCAAATCTATCTCGG  
CAAGATGATTTAATTCATCAAGAAAAACAAGAAAAGACACCATGTATAGCTCTTTATCATCGGTATCGGCAAGCCG  
GCTTGGTGATAGAGAAGTTGTCGTTCAAATTTCCACTTGCAAGGTCCTTAAAAGCCCAATATCAGAAATCTTGCTTA  
ATTTAGAGGAAAATGGACTTGTCTAATAAATTTCTTCTTCTTTGAGTCCCTTTGGAGGCAACGCTTCTTACCATTTA  
CATCTTCAGGTA

>SEQIDNO: 43

ATGTTAGCATTATCTCCTCCTGTATTTCCAACACCTGAATGGCCCTTAGAGGACCCCTTAGGCATTGACCAAATCTC  
CTACTTCTGTAGAGAACTCAGCCTGCTACTGCTGCTTTTCTTCCATCTTATCAGCAAGAGTTATTATTATTAGAGC  
TTGATCATCAACAATCCACATCTTTCACAGCCTATAATAGCAGTGGTGGTGACGCTAACGATATGGTGAAGAAGCTT  
AATCATAATGCAAGCGAACGTGATCGTCGCAAGAAGATGAACACCCCTTATTCTTCCCTCCGATCACTATTTCCGGC  
CGCCGATGAAATGAAGAAGCTGAGTATACCTGCCACAATTTGAGGGTGTGGAAGTACATACCAGAACTACAAGAAC  
AGTTAGAGAGATTGGTCAAAGGAAGGAAGAGATTTTGTCTAAGAATATCTAAGCAAAATCATATTGTTAATCCCCAA  
ATAAACCAAAAGAAAAGGCACTTCTCACAGCAGTTTATCAGTAGTATCAGCTAATCAAATTAGTGACAAAAGAGCCAT  
TATTCAAATTTCTACGTACAGTAATACTATCCATACAAGTCCACTATCAGAAATCTTGCTTCTTTTGGAGGAGGAAG  
GCCTTCTTTTGAATTAATCTTCTTCCGCTGAATCCTTTGGTGGCAGGGTCTTCAACAATTTACATGTTAGGTTGAT  
GATACTTATACATTGGAATGTGATGCTTTAAGTGAGAAGCTTGATCTCTGTATGCCAAGAGGGACGGCTGTTCCC  
ATGA

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO: 44

ATGGTCAAGAAGCTTAATCATAATGCAAGCGAAAGGGATCGCCGCAAGAAGATGAACACTCTCTATTCTTCCCTCCG  
ATCACTTCTTCCGGCTCCGATCAAATGAAGAAGCTGAGCATACCTGCCACAATTTCCAGGGTGTGAAGTACATAC  
CAGAACTACAACAACAATTGGAGAGATTTCGTCCAAGGAAAGAAGAACTATTACTGAGAATATCTAAGCAGAAATCAT  
ATTATTAATCCCCAAATAAACCAAAGAAAAGGCACTACTCACAGCACCTTATCAGTAGTATCAGTAATCAAATTAG  
TGACAAAGAAGTTGTTATTCAAGTTTCTACTTACAATAACTATCCATACAAGTCCATTATCAGAAATCTTGCTTC  
TTCTGGAGGAGGAAGGCCCTTCTTCTGATTAATTTCTTCCCTCTTTGAGTCCCTTTGGAGGCAGGGTCTTCTACAATTTA  
CATCTTCAGGTTGATGGAACCTTATATATTGGAGTGTGATGCTTTAAGCGAGAAGCTTGCAGCTTTATATGAGAGAGA  
CGGGTTATTTCCATGA

>SEQIDNO: 45

ACAACGATAATAACTACGCTCAATTTCAAACCTGATCAGAATAACAAGTTGTTGAAGGTTTACGTGCCGATAATAC  
TATTGATTTACCTTCATCTCATCTATCAACAACAATGTTTGAAAGGAAGTGAAGTTGATGTTGATGAGTTAGGGG  
TAGAAAGGTCATTAATGGAGAAGAAGCTAAATCATAATGCAAGTGAACGTAATAGAAGGAAGAAGATGAATTTTCTT  
TATTCAACTCTTCGTCTTTGCTTCTCTCTCTACTAATAAACATCAAAGAAAAAATTAAGCTTTCAGCAACAGT  
ATCATATGTACAAGAATACATCCAGAGTTGAAGAAAGAAATAGAGAGGCTAAGCAAAACAAAAGATTTGCTTTTAT  
CAAAGAAATCAAATTAATCATTACTCAAATTTGATGATAATAATAAGAGAAAATTAATTTGGTGAAGTCTTGT  
AATCTTCAACAACATCAATTTGTGCAAGTCAACTAAGTAATTCACAAGTTTGGTACAAATTTCAACAACCTCAAGA  
AAATAATTTTCCAATTTCAAGTATTTGCAAGTGTAGAGGAAGATGGATTAATTTTGCTAAATGCATCATCTTTA  
AATCTTTGGAGACAAGATTTTTCACAGCTTGCATTTTCAGATGCAAGGACCAATGAAATGGACATTCAGGTTTTG  
AAGACTAAGCTTTTAGTAATGTGT

>SEQIDNO: 46

ATGGACCATCAGCTGTTCGACGACCCCTTCGGGAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG  
CGGCGGACAGCTGCCGTGCGCCGCGTGGCCGGACCTCGACCTCGACGACGACTACGACATACACGACCTCTCCGCGC  
CGGCCGCAACGCCGCCACCTCTCGGGAGGAGGCTATGGCTCCGGCGGCTCCGGCAGGAAGCTCAGCCACAACGCA  
TACGAGCGCAGCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGATCCCTCCTCCCGACGCTGATCACAC  
TAAGAAGCTGAGCATCCCCACCACCGTGTCCCGAGTTCTCAACACCAAGAGATCGTAACTCCCATTTGTTCTGCTA  
CTTGCCTTAACGACACGGAGATCATGGTTTCAGGTCAGCTGCACAGCAATGTGGCCGCCACAGCTCTCCCTCTCTCC  
AAGTGCATAAAGGTGCTAGAAAACGAAGGCCCTCTCCTCGTCAGCTCATCAACCTACTCCACCTTCGAGAACAAGAC  
ATTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAGGAGCAGTGCCCAGGATTCTGCAGCAACTGGAGA  
AGATCGTCAGGAAGAAAGCAGGGGCG

>SEQIDNO: 47

ATGGAGCATCAACTATTCGACGACGCCGTCCCGAGCAGCATGATCTGGCCGTTAGAGGCAGAAAACGGTTTCACCGA  
CGAGCTGCCGTCTTTGAGTTACCGGACGTGGACCTTGACTTCGACATCCACGAGTTCTCCGCACCGGCAACGGCAC  
CGCGAAAGCGGCCCTCCTCGGGTGGCTCCGGATTGGTTGGTTCCGGTTCAGGATCGCATAAGAAGCTCAACCACAAC  
GCGTACGAGCGCACCAGGCGGACGAGCTCAATCAGCTCTACTCGACTCTCCGTTCTCTCATCCCCAACGCGAGATCA  
CACAAGAAGCTGAGCATTCCGACGACGGTGTGTGAGTCTCGACTACATACCCAAAGCTGCAGAAGCAGGTCGAGG  
ATCTCAAGAAGAAGAAACAGGAGCTCAGTACAGCCAAATGCAGAGAAAGACTGCAGCGCGTCAAGGACAACACATGC  
CGTATTGTTTCTGCCACTCTCTCGATGGCAACGAAATCATGGTCCAGGTTAGCCTGCTGAGCAACATGGCTGCAAG  
TCTTCTCTATCCAAGTGCATAAACGATTTGAGAACAAGGGCTTCACTCATCAGTTTCATCGACTTTCTCCACCG  
AGGTCAATAGAACATTTTACAGCTTCCACTTTGAGGTACGTTTTTACATGCGCCCT

>SEQIDNO: 48

GGCGATGGCTCGGGCTCCCATCGCAAGATCAGCCACAACGCCCTACGAGCGGACCGCCGCAAGCAGCTCAACGAGCT  
CTACTCCGACCTCCGCTCCCTCTCCCCGACACCGATCACACGAAGAAGCTTAGCATTCGGATCAGGTTGTCGCGGG  
TGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGTGGGCTTGNAGAAANAAGAAGGAGGAGNTGACGCGCGCCAACTG  
CAACCCGGNGTGNTGACCATGAAGGGGAACACGGTCCGATTTGTTCCGCCACCTGCCCTCGACGACAGGGANATTATGG  
TCCAAGTCAACCTGGTGAGCACATGGCCGGANTNTGCCATTTCAAATGCATCAAAGTGTGAAAACAANNNGCTCC  
GGTCA

>SEQIDNO: 49

ATGGAGCAGCTGTTTCGTCGACGACCCAGCCTTCGCGAGCAGCATGTCGTCGCTTGAGGCGGACATCTTCTCCGCGC  
CGGCCAGCTGCCGTCTCGCCGTGGCTGGACCTAGACCTCGACGACGATGTCCAAGACCTCTCCATGGCGCCGACGA  
CGGCGAACCGGTGTCTCCGGCTACGGCTCCGGCGGATCCGGCTCCACAGGAAGCTCAGCCACAACGCCTACGAG  
CGGACCGCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCTCCCTCCGCGCTCTCCTCCCCGACGCGGATCACACTAAGAA  
GCTGAGCATCCCGACGACGGTGTCTCGCGTGCTCAAATACATACCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGAGAATCTGGAGA  
GGAAGAAGAAGGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGCCAACCAAGAGTGTGGGGAGCCAGCTGATGAGC

>SEQIDNO: 50

ATGGTCGCATTGTTCTCTCTCTCTCTCTCTCAACCAAAGGGTGGCTCTTAGAGGAGGAGCCATTGGGCTATAATAA  
TACCATAATCTCTCTTACAAAGATGATGCGTCTTCTCAGTACTCCTTTCCCTATCAATTTTATTACCACAGACAC  
AGATTGAGGTTGAAATTGAAAGGTCCTACTGCACCATCTCTGACCTGCCATGGTCAAGAACTTAGCCACAATGCT  
AGCGAACGTGATCGCCGCAAGAAGGTCAACAACCTGGTTCCTTACTTCGCTCACTTCTTCCAATGGCAGATCAAAC  
GAAAAAATGAGCATTCTGCAACAGTTTCCAGAGTGTGAAATACATACCTGAACTACAACAGCAAGTGCAGCAC  
TAACAAAGAGAAAAGAGGAGCTTCTGTGCAGAAATTTCTCGGCAATTGCAAGGAGAAGCAGTGAACAAAGAATCTCAG  
AGAAAAATTTCCCATCACAACTCTCTTTTGTGTCTCAACGACTAGGCTTAACGATTGTGAAGCTGTAGTTCCACAT  
TTCATCTCATGAGACACACAAGGCTCCACTATCAGAGATCTGCAGTGCCTAGAAAATGATGGCCTTTTCTGCTAC  
ATGCTTCTCTCAGAAACCTTTGGAGGAAGGTTCTTCAAAATTTGCATTTTACGTTGGAGAAAATGATAGATTA  
GAGACCGAGATTTTAACTGAGAAGCTTTTACCAATATA

>SEQIDNO: 51

ATGTTAGCATTCTCCCTCCATTGTTTCCAACCCTTGATGGCCCTTGAGGATCCCATAAGCCATGCACAGAACTA  
CATATATGGAGAAAACAGAACTTCAGAATCGTTTCTTCACTTGCCCTCATCTCAGCCACAAGTGGAACTCAATTGCT  
CCACCCCATATGCAGCAGTTAGTGGTAATCCACGATGGTTAAGAACTTAACCACAACGTAGTGTGCGGGATCGT  
CGGAAGAAGATCAACAGCTTGTACTCTCTGCGTCACTACTTCCATCAGCTGATCAAGTGAAGAAATTAAGCAT  
TCCTTCGACAGTTTCATGTGTGCTAAAATACATACCAGAGCTGCAACGGCAAGTGGAGAGACTGATCCAAAAGAAAG  
AAGAGTTTTTATCAAAGATTTCTAGGGAAGGAGATCTAATTCACCTAGAAAATCAAAGAAATGGCACACTTGGAAAGC  
TCTTTATCTGCTGTTTCAGCAAGAAGGCTTAGTGACAGGGAAATTTGGTTTCAGATATCCACATTTAAGGTCCATGA  
GAGTCCACTTTCTGAGGTTTTGTTAAATTTGGAGGAGGATGGGCTTCTGTAAATCAATGCATCATCTTTTGTAGTCTT  
TTGGAGGGAGGGTCTTCTACAACCTTACATCTCAGTTGAAGGAACCAAGGAATGGAGTCGACCGCCACTTGGAG  
ATGACAAGAACCTTAAAAAACAACACATGAATATATGGTGATTATGACTTTCCTCTTTTTTTTCTTAAAGAT  
GTTCTGATCTTTACAAGAGTATTTACCAATCATATATCAACTTCTTACCAATGCTATGTTGGTAAATTAATTAATCA  
TTCTACTGCTACATGTAATTAAGAAAGAAAATTTTGAACCTTCTAAACATCAATTTGGCCAGCGCCGAACCAATAAT  
GTAGCAGGTCAAGCTGCCAAAAAATTTGGATGATGAGCTTCTTGGAAACCAAGATGAAAATGAAGGGATGGGAGT  
ACTGGAAACACCAATATTGATTAAGCAAGAAATGGTACCAAGAAATGGTGGAGAGAATCCTTGATCTTTACCCCA  
TGGCAATTCATGACATAGACTCCAACAAGAAGAATATAGTGCTATTGGCGGTGGAGAATAGGCACCCCATGTGTAT  
GAGCTCTTCTGAAGAGAAATATTGTGAAAGATAGTGTATTTGGTGCAGTTGATAATAAGGCAACAGTGCATTGCA  
TCTGGCTGCCATGTTTGCAGATTATCGGCCTTGGGTCACCTGGTGTGCATTGCAATGCAATGGGAAGTCAAAT  
GGTATGAGTATGTGAAGAAGTCCATGCCACCAATTTCTTCCGTTTCCACAACAATGAAAACAAGTCTACAAAGCAG  
ATTTTACCCCGTGAACACAGAGATCTGGTGCAAAAGGGTGGGCAATGGCTAAATAACACAGCCACCTCATGCTCGTT  
GGTAGTAACACTCATTGCAACAGTTGCCTTCGCCACATCAACTGCTGTACCGGGCGGCACCAAGGAGGGGACTGATT  
CATGCTCTCTCAATGGTCCCTAA

>SEQIDNO: 52

ATGTTAGCATTCTCCCTCCATTGTTTCCAACCCTTGATGGCCCTTGAGGATCCCATAAGCCATGCACAGAACTA  
CATATATGGAGAAAACAGAACTTCAGAATCGTTTCTTCACTTGCTCTCATCTCAGCCACAAGTGGAACTCAATTGCT  
CCACCCCATCTGCAGCAGTTAGTGGTAATCCACGATGGTTAAGAACTTAACCACAACGCCAGTGAAGCGGGATCGT  
CGGAAGAAGATCAACAGCTTGTACTCTATGCGTCACTACTTCCATCAGCTGATCAAGNAAAGAAATTAAGCAT  
TCCTTCGACAGTTTCACGTGTGCTAAAATACATACCAGAAGTGAACGACAAGTGGAGAGATTGATTCAAAAAGAAAG  
AAGAGTTTTTATCAAAGATTTGTAGGGAAGGAGATCCAATTCACCTAGAAAATCAAAGAAATGGCACACTTGGAAAGC  
TCTTTATCTGCTGTTTCAGCAAGAAGGCTTAGTGACAGGGAAATTTGGTTTCAGATATCCACATTTAATGTCCATGA  
GAGTCTCTTTCTGAGGTTTTGTTAAATTTGGAGGAGGATGGGCTTCTGTAAATCAATGCATCATCTTTTGTAGTCTT

ES 2 560 806 T3

TTGGAGGGAGGGTCTTCTACAACCTACATCTTCAGGTTGAAGGAACCTCAAGGAATGGAGTGTGAGTTGTTGAGCGAG  
AAGCTACTTTTCATTGTGTGAAAGGAGAGAGGCTTTTCCATGA

>SEQIDNO: 53

MCALVPSFFTNFGWPOSTNQYESYYGAGDNLNNGTFLELTVPQTYEVTHHQNSLGVSVSSEGNEIDNNPVVKKLNHN  
ASERDRRKKINTLFSSLRSLPASDQSKKLSIPETVSKSLKYIPELQQQVKRLIQKKEELVLRVSGQDFELYDKQQ  
PKAVASYLSTVSATRLGDNEVMVQVSSSKIHNFSISNVLGGIEEDGFVLVDVSSSRSQGERLFYTLHLQVENMDDYK  
INCEELSERMLYLYEKCENSFN

>SEQIDNO: 54

MCALVPPLFPNFGWPOSTGEYESNYLAGVNLEDFTFLDFPAPETYGVEHHQEIQEMLGVSVPSEGNGVVTKKLNHNAS  
ERDRRKKINSLFSSLRSLPASDQTKKLSIPQTVSRSLKYIPELQEQVKKLIQKKEELVLRVSGQRAIEHYVEPQPK  
AVARYVSTISATKLGNEVLVQISSSKNHNFSISNVLSGLEEDGFVLVDVSSSRYPHGKWLFLYSLHLQMGNKDNHKLK  
CEELSQRILYLYEECENSFR

>SEQIDNO: 55

MCALVPPLFPDFGWPOSTAGYESYYLGGENLNNDMFLDFPVVETYGVLAAHQNSLGVSVSSEGNGIDNNPVVKKLNHN  
NASERDRRKKINSLFASLRSLPSTSDQSKKLSISATVSRSLKYIPELQEQVKKLLQKKEELVLRVSGQRDIELYVKP  
QPKAIASYVSTVSATRLGDNEVMVQISSSKIHNFSISKVLTGLEEDGFVLVDVSSSRFQGERLFYTLHLQVENMDDH  
YKMNCEELSERMLYLYEECENXXR

>SEQIDNO: 56

IPQTVSRSLKYIPELQEQVKKLIQKKEELVLRVSGQRDIEHYVEPHKAVARYVSTISATKLGNEVMVQISSSKNH  
NFSISNVLSGLEEDGFVLVDVSSSRSHGERLFYTLHLQMGNKDDYKLTCEELRQRMLYLYEECGNSFR

>SEQIDNO: 57

IPTPSQATSSDLSMVKKLIRNASERDRRKKINTLYSSLRSLLPVAEQMKKLSNPATISRVLYIRELQKQVEGLLTR  
KEAILLKLSPDEVKSKESERK

>SEQIDNO: 58

SDRRKQLNEQYSSLRSLLPDDDHKKMSIPTTVSRVIKYIPELQKEVDGLEKKKEELRRASSEQGVLTMRQNTAPVV  
SATCLDDREIMVQVSLVSTMAAALPMSKCIKVLENEGLRLINSSTSAFQNRFTFYSLHLQRTQRTMSKEGQTFCNELE  
NAVKQKAGLHLHH

>SEQIDNO: 59

MGHQTMFDDPFASSMSSLDADIFSVAGGLHPSQWPGLDHDVSLAPAANNGTSSGGYGSPGGGDGSGSHRKISHNAY  
ERDRRQQLNELYSDLRSLLPDSDHTKKLSIPITVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRASCKPGVLTMKENTVPI  
VSATCLDEREIMVQVSLVSTMAGALPMSKRIKVLENEGLRLISSSTSAFQNRFTFYSLHLQRTQRTMSKECPAFCEEL  
ENALTQKAGYVYITSRLYVAE

>SEQIDNO: 60

MLAISPPMFSTIGWPFEEPLSHNQHSFYKDTVDFNFHDQVEAEINSTDPSQSTSSDLSMVKKLVHNASERDRR  
KKINNLVSSLRSLLPVSDQMKLSIPGTISRVLKYIPELQNVQVEGLIKRKDEILLGLSPQVEEFILSKESQRKKHSYN  
SGFVSSSRRLNDSEITIQISCYTVQKIPLSEILICLENGLLLLVSSSKTFGGRVFNLFHQVDKTIQILESHILNE  
KLSIMEKEGEFLKQ

>SEQIDNO:61

MVAFCPPQFSYSNMGWLEEELEPEESLISHKEKNYASLEYSLPYHQFSSPKEHVEIERPPSPKLMMAKLNHNASERDR  
RKKINSLISSLRSLLPGEDQTKKMSIPVTISRVLKYIPDLQKQVQGLTKKKEELLSRISHRQEYAVNKESQRKKIPN  
YNSAFVVSSTRLNDELVIHISSYEANKIPLSEILMCLENNGLLLNSSSSKTFGGRLFYNLHFQVDKTRQYECDDL  
IQKLSSIIYEQQNNHLGTMQDQTINSGLIY

>SEQIDNO:62

MLAISPPMFSTIGWPFEEPLSHNQHNSFYKDTVDQLFNFHDQVEAEINSTDPSQSTSSDLSMVKKLVHYASERDRR  
KKINNLSSLRSLLPVSDQMVLN

>SEQIDNO:63

MEQLFVDDPAFASSMSSLEADIFSGAGQLPSSPWLDDLDDDDVQDLSMAPTTANAVSSGYSGSGSGSHRKLSHNAYE  
RDRRKLNELYSSLRALLPADADHTKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVENLERKKKELTTTSTTNCKPGVLGSQLMSEG  
MAPIVSATCINDMEIMVQVSLSNVAGSVLPLSKCIKVLNENGLHFISSTSSGFGNRTFYSIHLQRSEGTINEECP  
AFCERLEKVVNRKAKL

>SEQIDNO:64

MEHQLFDDPFSSSISSLEADIFSGAGQLPSPWPDLDDLDDDDDIHDLAPTGNPTSSGGYSGGGSGGSHRKHSHN  
AYERDRRKLNELYSSLRSLLPADADHTKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLNTSQIVT  
PIVSATCLNDTEIMVQVSLSNVAATSLPLSKCIKVMENGLHLISSSTYSTFDNRTFYSLHVQRSQRTMKEECPA

>SEQIDNO:65

MVKKLSHNANERDRRKKIKSLYSSLRSLLPAAQMKKLSVPATVSRALKYIPELQQQVERLVQRKEELLSKLSKQGG  
IIHQENQRNDTVYSSLSVVSASQLSDREVVVHISTYKNHKSPLSEILLTLEEDGLVLKNSSSFESFGDRVFYNLHLQ  
VMEGTYTLDSEAMRAKLVSLSVKRESSL

>SEQIDNO:66

MLEELSPISLSTFGWPLEEAI SHEQHYSFRDGETPESFTHFPPSQPDVRQLDRSTSFTHAGSGDPSMAKLNHNA  
SERDRRKKINSLYSSLRSLLPAAQQRKLSIPYTVSRVLVYI PKLQQQVERLIQRKEELLSKLSRQADDLTHQENQR  
KGTMYSSLSVVSASRLSDREVVIHISTNKLHRSSLSEILVNLEEAGLLLNSSSFESFGGRVFNHLQAMEGTYTV  
ECEALNERLVSLCEKRESLFPLNSSSPYSNCVF

>SEQIDNO:67

DPNMVKKLNHNASERDRRKKINSLYSSLRSLLPASDGMKKLSIPSTISRVLKYIPELQQQVERQIQRKEELLSNLSR  
QDDLIIHQENQRKDTMYSSLSVVSASRLGDREVVVQISTCKVLKSPISEILLNLEENGLVLINSSSFESFGGNVIFYHL  
HLQV

>SEQIDNO:68

MLALSPPVFPPEWPLEDPLGIDQISYFCRETQPATAAFPSYQQEELLELDHQOSTSFTAYNSSGGDANDMVKKL  
NHNASERDRRKKMNTLYSSLRSLFPAADEMKKLSIPATISRVLKYIPELQEQRLVQRKEEILLRISKQNHVNPQ  
INQRKGTSHSSLSVVSANQISDKEAIIQISTYSNTIHTSPLSEILLLEEEGLLLNSSSAESFGGRVFNHLHVQVD  
DTYTLCDALSEKLAALYAKRDGLFP

>SEQIDNO:69

MVKKLNHNASERDRRKKMNTLYSSLRSLLPASDGMKKLSIPATISRVLKYIPELQQQLERFVQRKEELLLRISKQNH  
IINPQINQRKGTTHSTLSVVSANQISDKEVVIQVSTYNNTIHTSPLSEILLLEEEGLLLNSSSFESFGGRVFNHL  
HLQVDGTYIILECDALSEKLAALYERDGLFP

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO:70

TTIITTPQFQTDQNNKLFEGLRADNTIDLPSHHYQQQCLKGSEFDVDELGVERSMEKKLNHNASERNRRKKMNF  
YSTLRSLLPPTNKHQKKLSFPATVSYVQEYIPELKKEIERLSKTKDLLLLSKSNYSLLKIDDNNKRKLIIGGTSC  
NSSTTSICASQLSNSQVLVQISTTQENNFPISQVFASVEEDGLILLNASSFKSFGDKIFHSLHFQMQGPIEMDIQVL  
KTKLLVMC

>SEQIDNO:71

MDHQLFDDPFGSSISSLEADIFSAGGGQLPSPWPDLDDDDYDIHDL SAPAANAATSSGGGYGSGGSGRKL SHNA  
YERDRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLTKEIVTPIVSATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATALPLS  
KCIVLENEGLLLVSSSTYSTFENKTFYSLHLQRSQRTMKEQCPCGFCDELEKIVRKKAGA

>SEQIDNO:72

MEHQLFDDAVPSSMIWPLEAENGFTDELPSLQLPDVLDLDFDIHEFSAPATAPAKAASSGGGSLVSGSGSHKKLNHN  
AYERDRRTQLNQLYSTLRS LIPNADHTKKLSIPTTVQCQLDYIPKLQKQVEDLKKKQELSTAKCRERLQRVKDNTC  
RIVSATPLDGNEMVQVSLLSNMAASLPLSKCINVFENKGLHLISSSTFSTEVNRTFYSFHFVRFYMRP

>SEQIDNO:73

GDGSGSHRKISHNAYERDRRKQLNELYSDLRSLLPDHTTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQWAXRXKEGGXDARQL  
QPGVXTMKGNTVRLFRHLPRRQGXYPSPGHEMAGXCPFMHQSAGKQXLS

>SEQIDNO:74

MEQLFVDDPAFASSMSSLEADIFSGAGQLPSSPWLDDLDLDDVQDLSMAPTTANAVSSGYGSGGSGSHRKL SHNAYE  
RDRRKQLNELYSSLRALLPADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVENLERKKKELTTTSTTNCQPRVLGSQ LMS

>SEQIDNO:75

MVALFSPPLFSTKGWLLEEEPFYNNTHNLSYKDDASSQYSFPYQFYSPTQIEVEIERSTAPSSDPAMVKKLSHNA  
SERDRRKVNVLVSSLRSLPMADQTKKMSIPATVSRVLKYIPELQQVQALTKRKEELLCRISRQLQGEAVNKESQ  
RKISHHNSFVVTFRRLNDCEAVVHISSEHETHKAPLSEILOCLENDGLFLLHASSSETFGGRFFYNLHFHVEKTDRL  
ETEILTEKLLPIY

>SEQIDNO:76

MLAFSPPLFSTFGWPWEDPXSEQNYIYQETEASESFLHLPSSPQAE LNYSTPSAAVSGNPTMVKKLNHNASERDR  
RKKINSLYSSLRSLPADQAKKLSIPSTVSRVLKYIPELQKQVERLIQKKEELLSKISRQGDIIHQEKQRKATLAS  
SLSAVSANRLSDREIVVQISTFKVHESPLSEVLLNLEEDGLLVINASSFESFGGRVFYNLHLQVEGTQGMESTAHLE  
KLLSLCEKRRDAFP

>SEQIDNO:77

MLAFSPPLFPPTLGWPLEDPI SHAQNYIYGETETSESFLHLPSSQPQVELNCSTPYAAVSGNPTMVKKLNHNVSVRDR  
RKKINSLYSSLRSLPADQVKKLSIPSTVSCVLKYIPELQKQVERLIQKKEEFLSKISREGDLIHLENQRNGTLGS  
SLSAVSARRLSDREIVVQISTFKVHESPLSEVLLNLEEDGLLVINASSFESFGGRVFYNLHLQVEGTQGMESTAHLE  
MTRTLKNKHMNILVIHMDFPFFLKMFLIFTRVFTNHI STSYQCYVGKLI I ILLLVIKKENFETS KHQLASAEPII  
VAGQAAKLDDELLETKMKTEGMGVLETPILIKAKNGTKEMVERILDLYPMAIHDI DSNKKNIVLLAVENRHPHY  
ELFLKRNIVKDSVFGAVDNKGNALHLAAMFADYRPWVTPGVALQMQWEVKWYEVKKSMPNPFRRFHNNENKSTKQ  
IFTREHRDLVQKGGQWLNNATATSCSLVVTLIATVAFATSTAVPGGTKEGTDSCPLNGP

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO: 78

MLAFSPPLFPPTLGLWPLEDPI SHAQNYIYGETETSESFLHLSSSQPVELNCSTPSAAVSGNPTMVKKLNHNASERDR  
RKKINSLYSSMRSLPSADQXKKLSI PSTVSRVLKYI PELQRQVERLIQKKEEFLSKICREGDPIHLENQRNGTLGS  
SLSAVSARRLSRDREIVVQISTFNVHESPLSEVLLNLEEDGLLVINASSFESFGGRVVFYNLHLQVEGTQGMCELLSE  
KLLSLCERREAFP

>SEQIDNO: 79

ATGGAGTATCCATGGCTGCAGTCTCAAGTTCATTCCCTTTTCACCTACTCTCCATTTTCCTTCCTTCATCCTTT  
AGATGATTCCAAGAGCCATAACATCAATCTTCATCATATGAGTCTTAGTCACAGCAATAATACTAACAGTAACAATA  
ACAATTATCAAGAAGAAGATCGAGGAGCGGTGGTTTTGGAGAAGAACTGAATCACAAACGCAAGCGAACGAGACCGC  
CGTAGAAAACCTAACGCCTTGTACTCTCACTTCGTGCTCTCTTGCCCTTTCTGATCAAAAAGAGGAAGCTGAGCAT  
TCCTATGACGGTAGCGAGAGTAGTGAATACATACCAGAGCAGAAGCAAGAAGCTTCAACGTTTGTCTCGGAGAAAAG  
AAGAGCTCTTGAAGAGGATCTCGAGAAAACCTCACCAAGAGCAGCTGAGAAAACAAGCAATGATGGACTCAATAGAT  
TCTTCTTCTCTCAACGGATCGCAGCAAATTGGCTCACTGACACAGAGATTGCTGTCCAGATTGCTACGTCGAAATG  
GACATCTGTTTACAGACATGTTGCTTAGGTTAGAAGAAAACGGGCTTAATGTCATAAGCGTCTCTTCTCCGTTTCTT  
CCACCGCAAGGATCTTCTACACTCTACATCTTCAGATGAGAGGAGATTGCAAAGTGAGACTGGAGGAAGCTCATCAAT  
GGTATGCTCTTGGGATTACGCCAATCATAA

>SEQIDNO: 80

ATGTGTGCCTTAACACCAATGTTTCCAAGTAACCAACAAGAATGGTACTCTACTTCAACAATGGAGTATCCATGGCT  
TGATTCTTCTCTCCTACTCTCCCTTCTTCTTTTATCCTTCTTTTCGACCAACTAGATGAATTCAGAGCTATAACA  
TCAATCTTCTTCTCATCATATGAATCTTGCTGACATAAATGGTACTAACAATGATCAAGAAGAACATCAAGGATCG  
GTTTTGGAAAAGAACTGAATCACAAACGCAAGTGAACGCGACCGCGTAGAAAAGCTAAACGCCTTATACGCTTCACT  
TCGTGCTCTTTCCTCTTCTGATCAAAAAGAGAAAGTTGAGCATTCCAAAAGACCATAGCGGGAGTGGTGAAGTATA  
TACCAGAGCAGAAGCAAGAAGCTTCAACGTTTGTCTAGGAGGAAAGAAGAGCTTATGAAGAGAATCTCCAATAAGACA  
GAGACTTTGAATCATCAACAAGAACAGCTGAGAAAATAGAGCATTAAATGATGGAGTCAATAGATTCTTCTTCAAAAA  
GATCGCT

>SEQIDNO: 81

ATGGAGTATCCATGGCTTGATTCTTCTCTCCTACTCTCCCTTCTTCTTTTATCCTTCTTTTCGACCAACTAGATGA  
ATTCAAGAACTATAACATCAATCTTCTTCTCATCATATGAATCTTGCCGACATAAATGGTACTAACAATACCAGTA  
ACAATGATCAAGAAGAACATCAAGGATCGGTTTTGGAAAAGAACTGAATCACAAACGCAAGTGAACGCGACCGCGT  
AGAAAAGCTAAACGCCTTATACGCTTCACTTCGTGCTCTCTTGCCCTCTTCTGATCAAAAAGTCCGGCGAATCAGAGAAA  
GTTGAGCATTCCAAAGACCGTAGCGGGAGTGGTGAAGTATATACCAGAGCAGAAGCAAGAAGCTTCAACGTTTGTATA  
GGAGGAAAGAAGAGCTTATGAAGAGGATCTCCAATAAGATAGAGACTTGAATCATCAACAAGAACAGCTGAGAAAAT  
AGAGCATTAATGATGGAGTCAATAGATTCTTCTTCCAAAAGATCGCTGCAAATTTGGATCACCACACAGAAAATAGC  
TGTCCAGATTGCTACATGGAAATGGACATCTATCTCAGACATGTTGCTTAGGTTAGAAGAAAACGGGCTTAATGTCA  
TAAGCGTCTTCTTCCGGTTTCTTCCACCGCAAGGATCTTCTACACACTGCATCTTCAGATG

>SEQIDNO: 82

GCTTTCTCTTTCAGCTCGATCGATCCACAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCCCTCCGCGCTCTCCTCCCGACGCCGA  
TCACACTAAGAAGCTGAGCATCCCGACGACGGTGTCTCGCGTGCTCAAGTACATACCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGG  
AGAATCTGGAGAGGAAGAAGAAGGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGCAAACCAGGAGTGTGGGGAGCCAG  
CTGATGAGCGAGGGCATGGCTCCCATCGTT

>SEQIDNO: 83

ATGGAGCAGCTGTTCTGTCGACGACCCAGCCTTCGCGAGCAGCATGTCGTCGCTTGAGGCGGACATCTTCTCCGGCGC  
CGGCCAGCTGCCGTCTCGCCGTGGCTGGACCTAGACCTCGACGACGATGTCCAAGACCTCTCCATGGCGCCGACGA  
CGGCGAACCGGTGTCTCCGGCTACGGCTTCGGCGGATCCGGCTCCACAGGAAGCTCAGCCACAACGCCTACGAG  
CGCGACCGCGGAAGCAGCTCAACGAGCTTACTCTCCCTCCGCGCTCTCTCCCGACGCGGATCACACTAAGAA  
ACTGAGCATTTCGACGAACGTGCTTCTGCGTGGTTGATACATAACCGAACCTGCAGAAAACAAGTGGAGAATATGGAG  
AAGAAAAAAAAGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGTCAACCCCAAGATGTGGGTAGAAGC

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO: 84  
MEYPWLQSQVHSFSP T L H F P S F L H P L D D S K S H N I N L H H M S L S H S N N T N S N N N N Y Q E E D R G A V V L E K K L N H N A S E R D R  
R R K L N A L Y S S L R A L L P L S D Q K R K L S I P M T V A R V V K Y I P E Q K Q E L Q R L S R R K E E L L K R I S R K T H Q E Q L R N K A M M D S I D  
S S S S Q R I A A N W L T D T E I A V Q I A T S K W T S V S D M L L R L E E N G L N V I S V S S S V S S T A R I F Y T L H L Q M R G D C K V R L E E L I N  
G M L L G L R Q S

>SEQIDNO: 85  
M C A L T P M F P S N Q Q E W Y S T S T M E Y P W L D S F S P T L P S S L Y P S F D Q L D E F K S Y N I N L L P H H M N L A D I N G T N N D Q E E H Q G S  
V L E K K L N H N A S E R D R R R K L N A L Y A S L R A L L P P S D Q K R K L S I P K T I A G V V K Y I P E Q K Q E L Q R L S R R K E E L M K R I S N K T  
E T L N H Q Q E Q L R N R A L M M E S I D S S S Q K I A

>SEQIDNO: 86  
M E Y P W L D S F S P T L P S S L Y P S F D Q L D E F K N Y N I N L L P H H M N L A D I N G T N N T S N N D Q E E H Q G S V L E K K L N H N A S E R D R R  
R K L N A L Y A S L R A L L P P S D Q K S A N Q R K L S I P K T V A G V V K Y I P E Q K Q E L Q R L Y R R K E E L M K R I S N K I E T L N H Q Q E Q L R N  
R A L M M E S I D S S S Q K I A A N W I T N T E I A V Q I A T W K W T S I S D M L L R L E E N G L N V I S V S S S V S S T A R I F Y T L H L Q M

>SEQIDNO: 87  
A F S F S S I D P Q L N E L Y S S L R A L L P D A D H T K K L S I P T T V S R V L K Y I P E L Q K Q V E N L E R K K K E L T T T S T T N C K P G V L G S Q  
L M S E G M A P I V

>SEQIDNO: 88  
M E Q L F V D D P A F A S S M S S L E A D I F S G A G Q L P S S P W L D L D L D D D V Q D L S M A P T T A N A V S S G Y G F G G S G S H R K L S H N A Y E  
R D R R K Q L N E L Y S S L R A L L P D A D H T K K L S I S T N V S C V V Q Y I T E P A E T S G E Y G E E K K E L T T T S T T N C P Q D V G R S

>SEQIDNO: 89  
A T G T G T G C A C T T G T C C C T C C A T T A T A T C C C A A T T T C G G C T G G C C T T G C G G A G A T C A T A G C T T C T A T G A A A C C G A C G A  
C G T A T C C A A C A C G T T T C T T G A T T T T C C G T T G C C G G A C T T G A C G G T G A C T C A T G A G A A T G T G T C G T C T G A G A A T A A C A  
G A A C A T T A C T A G A C A A T C C C G T G G T G A T G A A G A A G C T T A A T C A C A A C G C G A G T G A A C G T G A G C G T C G C A A G A A G A T C  
A A C A C A A T G T T C T A T C T C T T C G T T C T T G T C T T C C T C C C A C C A A T C A A C G A A G T T A A G T G T T C G G C A A C A G T T T C  
A C A A G C A T T G A A G T A C A T A C C A G A G C T G C A A G A G C A A G T T A A A A A G C T C A T G A A G A A G A A A G A A G A G C T C T C G T T T C  
A A A T T T C G G G T C A A A G A G A T C T C G T T T A C A C C G A C C A A A A C A G T A A G T C A G A G G A A G G G G T T A C A A G C T A T G C G T C G  
A C A G T T T C T P C G A C T A G G C T C A G T G A G A C T G A A G T G A T G G T C C A A A T T C A T C G T T A C A G A C T G A A A A T G T T C G T T  
T G G G A A T G T C T T G A G T G G T G T A G A A G A A G A T G G G T T G G T T C T T G T G G G T G C T T C A T C T T C A A G G T C T C A T G G A G A G C  
G A C T C T T T A C T C T A T G C A T C T T C A G A T A A A A A T G G C C A G G T G A A T T C C G A A G A A T T A G G T G A T A G A T T G T T G T A C  
T T G T A C G A G A A T G T G G A C A C T C G T T T A C A T G A

>SEQIDNO: 90  
A T G T G T G C A C T T G T C C C T C C A T T A T A T C C C A A T T T C G G C T G G C C T T G C G G A G A T C A T A G C T T C T A T G A A A C C G A C G A  
C G T A T C C A A C A C G T T T C T T G A T T T T C C G T T G C C G G A C T T G A C G G T G A C T C A T G A G A A T G T G T C G T C T G A G A A T A A C A  
G A A C A T T A C T A G A C A A T C C C G T G G T G A T G A A G A A G C T T A A T C A C A A C G C G A G T G A A C G T G A G C G T C G C A A G A A G A T C  
A A C A C A A T G T T C T A T C T C T T C G T T C T T G T C T T C C T C C C A C C A A T C A A C G A A G A A G T T A A G T G T T T C G G C A A C A G T  
T T C A C A A G C A T T G A A G T A C A T A C C A G A G C T G C A A G A G C A A G T T A A A A A G C T C A T G A A G A A G A A A G A A G A G C T C T C G T  
T T C A A A T T T C G G G T C A A A G A G A T C T C G T T T A C A C C G A C C A A A A C A G T A A G T C A G A G G A A G G G G T T A C A A G C T A T G C G  
T C G A C A G T T T C T T C G A C T A G G C T C A G T G A G A C T G A A G T G A T G G T C C A A A T T T C A T C G T T A C A G A C T G A A A A T G T T C  
G T T T G G G A A T G T C T T G A G T G G T G T A G A A G A A G A T G G G T T G G T T C T T G T G G G T G C T T C A T C T T C A A G G T C T C A T G G A G  
A G C G A C T C T T T T A C T C T A T G C A T C T T C A G A T A A A A A T G G C C A G G T G A A T T C C G A A G A A T T A G G T G A T A G A T T G T T G  
T A C T T G T A C G A G A A T G T G G A C A C T C G T T T A C A T G A

>SEQIDNO: 91  
C C A C G T C G T C T G C G C G G C C G A C T C C T T C T A C G T C G G C C T C C C G A T C C C G G T G G T G T C C G C G G C G A G G A G C T G A T G G  
C G G G G C G A A C C T C A T C C A C A A C G C C T A C G A G C G C G A C C G C C G G A A G C A G C G C A A C G A G C T C T A C T C C C C T C C G C G  
C T C T C C T C C C C G A C G C C G A T C A C A C T A A G A A G C T G A G C A T C C C G A C G A C G G T G T C T C G C G T G C T A A G T A C A T A C C C  
G A G C T G C A G A A G C A G G T G G A G A A T C T G G A G A G G A A G A A G A A G G A G C T G A C G A C G A C G A C C A C C A A C T G C A A A C C  
A G G A G T G T T G G G G A G C C A G C T G A T G A G C G A G G G C A T G G C T C C C A T C G T T T C G G C T A C C T G C A T C A A T G A C A T G G A G A  
T C A T G G T T C A G G T C A G C T T G T T G A G C A A T G T G G C G G G T T C A G T T C T T C C T C T C C A A G T G A T C A A A G T A C T G G A G  
A A C G A A G G T C T T C A C T T C A T C A G T T C A T C G A C T T C C T C C G G A T T T G G G A A C A G G A C A T T C T A C A G T A T C C A T C T T C A

GAGAAGTGAAGGAACGATCAACGAGGAGTGTCCAGCATTGTTGTGAAAGGTTGGAGAAAGTCGTCAGGAACAAAGCAA  
AGCTT

>SEQIDNO: 92

ATGGAGCACCAGTGTTCGATGACCCCTTCTCTAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG  
CCAGCTGCCGTCGCCGCGCTGGCCGGACCTCGACCTCGACCTCGACGACGACGACGGCATCCACGACCTTCCGCCGC  
CGGCCGGCAACCCACCTCTTCAGGAGGCTATGGCTCGGGCGGAGGCTCCACAGGAAGATCAGCCACAACCGGTAC  
GAGCGTGACCGCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCGACGCTGACCACACTAA  
GAAGCTGAGCATCCCCACCACGGTCTCCCGAGTTCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGG  
AGAGGAGGAAGAAGGAGCTGACGAACGCCAAGTCAAACCAGGAGTTCTGAACACGAGCCAGATTGTAACCTCCATT  
GTTTCTGCTACTTGCCCAACGATACGGAGATCATGGTTTCAGGTCAGCCTGCACAGCAACGTGGCTGCCACAAGTCT  
TCCTCTGTCCAAGTGCATAAAAGTGTATGGAGAACGAAGGCCCTCACCTAATAGTTTCATCAACTTACTCCACCTTCG  
ACAACAGGACATTCTATAGCCTCCATGTTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAGGAGGAGTGTCCAGCATTCTGCGAT  
GAACTGGAGAGGATTATC

>SEQIDNO: 93

ATGGACCATCAGTGTTCGACGACCCCTTCGGGAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG  
CGGCCGACAGCTGCCGTCGCCGCGCTGGCCGGACCTCGACCTCGACGACGACTACGACATACACGACCTTCCGCCGC  
CGGCCGCCAACGCCGCCACCTCCTCGGGCGGCGGTATGGCTCCGGCGGCTCCGGCAGGAAGCTCAGCCACAACGCA  
TACGAGCGCAGCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGATCCCTCCTCCCGGACGCTGATCACAC  
TAAGAAGCTGAGCATCCCCACCACCGTGTCCCGAGTTCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGATAACC  
TGGAGAGGAGGAAGAAGGAGCTGACCAACGCCAAGTCAAAGCCGGGAGTTCTCAACACCAAGAGATCGTAACCTCC  
ATTGTTTCTGCTACTTGCCCTTAACGACACGGAGATCATGGTTTCAGGTCAGCCTGCACAGCAATGTGGCCGCCACAGC  
TCTCCTCTCTCCAAGTGCATAAAGGTGCTAGAAAACGAAGGCCCTTCTCCTCGTCAGCTCATCAACCTACTCCACCT  
TCGAGAACAAGACATTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAGGAGCAGTGTCCAGGATTCTGC  
GACGAACCTGGAGAAGATCGTCAGGAAGAAAGCAGGGGCG

>SEQIDNO: 94

GCCTCGTGCCGGCGGGTGTCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGGAGAAGAAGAAGGAGGA  
GCTGACGCGCGCCAACTGCAAGCCCGCGTGTGACCATGAAGGAGAACATGGCTCCGATCGTGTCCGCCACCTGCC  
TCGATGACAGAGAAATCATGGTCCAGGTCAGCCTGGTGTGAGCACCATGGCCGGAGTTCTGCCCATGTCCAAGTGCATC  
AAGTGTGTGGAGAACGAAGGCCACGCCTCATCAGCTCGTCCACTTCCGCGTTTCAACAACAGGACGTTCTATAGCCT  
CCATCTTCAGAGAACCACCGGACGATGAGCAAGGAGTGTCCGGCATTGTTGTAAGAAGCTGGAGAACGCCCTGACGC  
AAAAGGCAGGACTACGTCTACATCACCACCAG

>SEQIDNO: 95

ATGGATCACCAGCTGTACGGCGACCCCTCCGCGAGCAGCTTCTCTCCGCTGGAGGCGACAGATCTTCTCCGGCCAGCT  
GCCGCGTCTGTCACGCCATGGCCAAATCTCGACGTTGACCTCGCCCTGGACCTCGACGTTCTCGAGGATGACATCG  
TCCGGGAGCTCTCTGTGGCACAGTGGCAAACGCGGCATCGTCAGGTTCCGGCTCCGGCGCCCAAGAAGCTCAGC  
CACAAACGCGTACGAGCGGACCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTATACCTCTCGCTCCGTTCTCTCCTCCCGGACGC  
CGACCACACCAAGAAGCTGAGTATTCGACGACGGTGTGTGAGCGCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAACAGG  
TCGAGAATCTGGAGAAGAAGAAAGAGAAACTGGCTAGTGCCAACTGCAAACCAGGGGTACTGAGCGTGACCGGCAGC  
ATAGCTCCAACCTGTGTCGCTACTTGCCCTCAACCACAAGGAAATCATGGTTTCAGATTAGCTTGCTGAGAGATACAGA  
TGCTTCTACAGCTTACCTCTTCCAAGTGTATAAATGTACTGGAGAACGAAGGACTTCAGCTCATCAGTTCATCGA  
CTTCTCCACCTTTGGGAACAAAACGTTCTATAACCTCCATCTTCAGAGAAGTCAAAGGAGCCACTAAACATGGAGTG  
CCCATCGTTTTG

>SEQIDNO: 96

CGCAGATCTTCTCCAGCCAGCTGCCGCGTACCAGCCGTTGGCCGAATCTCGATGTTGACGTTGACCTGGACCTCGAC  
GTTCTTGAGGACGACGTCGTCGCCGAACTCTCAGGGAGGCCGCAACCGCGCATCGTCAGGCTCCGGCTCCGGCGG  
CCCCGGTCCCACAAGAAGCTCAGTCAACACGCGTACGAGCGGACCCCGGAAGCAGTCAACGAGCTTACCTCT  
CACTCCGTTCTCTCTGCGGACGCCACCACACTAAGAAGCTGAGTATTCGACGATGGTGTGTGAGCGCTCAAG  
TACATCCCAGCTGCAGAAACAGGTCGAGAATCTGGAGAAGAAGAAGAGAAACTTGCTAGTTCCAACGCAAACCA  
GAGGTAAGTGCAGCAAGCGGCAGCATAGCTCTAACTGTGTCCGCTACTTGCTCAACGACAAGGAAATCATGGTTCA  
GATTAGCTTGCTGAGACATACGGATGCTGTACAGCTTACCTCTTCCAAGTGTATAAATGTACTGGAGAACGAAG  
GACTTGAGCTCGTCAGTTTACGACTTCTGCACCTTTGGGAACAAAATGTTCTATAACCTCCATCTTCAGAGAAGT  
CAAGGAGCGCTAACATGGGAGTGTCCATCCTTCTGTGACAAATTTGGAACAAGCAATCAGGAAAACAGCAGGATTA

# ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO:97  
CGACGGAAGCAGCTCAACGACCTTTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCGACGCTGACCACACCAAGAAGCTGAG  
CATCCCCACCACCGTGTCCCGAGTCTCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGGAGAGGAGGA  
AGCGGGAGCTGACCAACGCCAACTGCAAGCCGGGAGTTCTCAACACCAGCGAGATCGTAACTACTCCCATTGTTTCT  
GCTACTTGCCCAACGACACGGAGATCATGGTTCAGGTGAGCCTGCACAGCAATGTGGCAGCCACGGCTCTCCCTCT  
CTCCAAGTGATAAAGGTGCTGGAGGACGAGGCTTACCTCATCAGCTCATCAACCTACTCCACCTTTGGGAACA  
AGACATTCTATAGCCTCCATCTTCAGGTGTGCATGCATGTTCAATGGTTCCTGCCGTTTCCTCAATTTTTTT  
ATC

>SEQIDNO:98  
MCALVPPLYPNFGWPCGDHSFYETDDVSNFLDFPLPDLTVTHENVSSENNRTLLDNPVVMKKLNHNASERERRKKI  
NTMFSSLRSLPPTNQTKLVSATVVSQALKYIPELQEQVKKLMKKKEELSFQISGQRDLVYTDQNSKSEEGVTSYAS  
TVSSTRLSETEVMVQISSLQTEKCSFGNVLSGVEEDGLVLVVGASSRSRSHGERLFYSMHLQIKNGQVNSEELGDRLLY  
LYEKCGHSFT

>SEQIDNO:99  
MCALVPPLYPNFGWPCGDHSFYETDDVSNFLDFPLPDLTVTHENVSSENNRTLLDNPVVMKKLNHNASERERRKKI  
NTMFSSLRSLPPTNQTKLVSATVVSQALKYIPELQEQVKKLMKKKEELSFQISGQRDLVYTDQNSKSEEGVTSYA  
STVSTRLSETEVMVQISSLQTEKCSFGNVLSGVEEDGLVLVVGASSRSRSHGERLFYSMHLQIKNGQVNSEELGDRLLY  
LYEKCGHSFT

>SEQIDNO:100  
PRRLRGRLLLLRRPPDPGGVRRRGADGGANLIHNAYERDRRKQRNELYSSLRALLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIP  
ELQKQVENLERKKKELTTTSTNCKPGVLGSQMLSEGMPIVSATCINDMEIMVQVSLSNVAGSVLPLSKCIKVLE  
NEGLHFISSTSSGFGNRTFYSIHLQRSEGTINEECPAFCERLEKVVRNKAKL

>SEQIDNO:101  
MEHQLFDDPFSSSISSLEADIFSAGGQLPSPWPDLDDLDDDDGIHDL SAPAGNPTSSGGYGSGGSHR KISHNAY  
ERDRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLNTS QIVTPI  
VSATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATSLPLSKCIKVMENEGHLI SSSTYSTFDNRTFYSLHVQRSQRTMKEECPAFCD  
ELERII

>SEQIDNO:102  
MDHQLFDDPFSSSISSLEADIFSAGGGQLPSPWPDLDDLDDDDYDIHDL SAPAANAATSSGGYGSGGSGRKL SHNA  
YERDRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLNTKEIVTP  
IVSATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATALPLSKCIKVLENEGLLLVSSSTYSTFENKTFYSLHLQRSQRTMKEQCPCGFC  
DELEKIVRKKAGA

>SEQIDNO:103  
ASCRRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRANCKPGVLTMKENMAPIVSATCLDDREIMVQVSLVSTMAGVLPMSKCI  
KVLENEGLRLISSSTSAFHNRFTFYSLHLQRTQRTMSKECPAFCEELENALTQKAGLRLHHHQ

>SEQIDNO:104  
MDHQLYGDP SASSFSPLEAQIFSGQLPSSSTPWPNLVDLALDLVDLEDDIVRELSAGTVANAASSGSGSAHKKLS  
HNAYERDRRKQLNELYLSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVCRALKYIPELQKQVENLEKKKEKLASANCKPGVLSVTGS  
IAPTVSATCLNHKEIMVQISLLRDTDASTALPLSKCINVLENEGLQLISSSTSTFGNKTFYSLHLQRSQGATKHGV  
PIVL

>SEQIDNO:105  
RRKQLNDLYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKREL TNANCKPGVLNTSEIVTTPIVS  
ATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATALPLSKCIKVLEDAGHLI SSSTYSTFGNKTFYSLHLQVCMHVHSMVPAVSFNFF  
I

**Bibliografía**

1. Bailey, P.C., Martin C., Toledo-Ortiz ,G., Quail ,P.H., Huq, E., Heim, M.A., Jakoby, M., Weber, M., Weisshaar, B.(2003). Update on the Basic Helix-Loop-Helix Transcription Factor Gene Family in Arabidopsis thaliana. *Plant Cell* 15(11), 2497-2502.
- 5 2. Brownlie, P., Ceska, T.A., Lamers, M., Romier, C., Stier, G., Teo, H., Suck, D. (1997). The crystal structure of an intact human Max-DNA complex: new insights into mechanisms of transcriptional control. *Structure* 5, 509-520.
3. Heim, M.A., Jakoby, M., Werber, M., Martin, C., Weisshaar, B., and Bailey, P.C. (2003). The basic helix-loop-helix transcription factor family in plants: A genome-wide study of protein structure and functional diversity. *Mol. Biol. Evol.* 20, 735-747.
- 10 4. Kang, H.-G., Foley, R.C., Onate-Sanchez, L., Lin, C., Singh, K.B. (2003). Target genes for OBP3, a Dof transcription factor, include novel basic helix-loop-helix domain proteins inducible by salicylic acid. *Plant J* 35, 362-372.
5. Ling H.Q., Bauer P., Berezky Z., Keller B., Ganai M. (2002). The tomato fer gene encoding a bHLH protein controls iron-uptake responses in roots. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2002; 99:13938-13943
- 15 6. Martinez-Garcia, J.F., Huq, E., Quail, P.H. (2000). Direct Targeting of Light Signals to a Promoter Element-Bound Transcription Factor. *Science* 288, 859-863.
7. Ogo, Y., Itai, R.N., Nakanishi, H., Inoue, H., Kobayashi, T., Suzuki, M., Takhashi, M., Mori, S., Nishizawa, N.K. Isolation and characterization of IRO2, a novel iron-regulated bHLH transcription factor in graminaceous plants. *J. Exp. Bot.* 57, 2867-2878.
- 20 8. Ramsay, N.A., Walker, A.R., Mooney, M., Gray, J.C. (2003). Two basic-helix-loop-helix genes (MYC-146 and GL3) from Arabidopsis can activate anthocyanin biosynthesis in a white-flowered *Matthiola incana* mutant. *Plant Mol. Biol.* 52, 679-687.
9. Toledo-Ortiz, G., Huq, E., and Quail, P.H. (2003). The Arabidopsis basic/helix-loop-helix transcription factor family. *Plant Cell* 15(8), 1749-1770.
- 25 10. Tominaga, R., Iwata, M., Okada, K." Wada, T. (2007). Functional Analysis of the Epidermal-Specific MYB Genes CAPRICE and WEREWOLF in Arabidopsis. *Plant Cell* 19(7), 264-2277.
11. Vorwieger, A., Gryczka, C., Czihal, A., Douchkov, D., Tiedemann, J., Mock, H.-P., Jakoby, M., Weisshaar, B., Saalback, I., Baumlein, H. (2007). Iron assimilation and transcription factor controlled synthesis of riboflavin in plants. *Planta* 226, 147-158.
- 30 12. Wang H.-Y., Klatte, M., Jakoby, M., Baumlein, H., Weisshaar, B., Bauer, P. (2007) Iron deficiency-mediated stress regulation of four subgroup Ib BHLH genes in Arabidopsis thaliana. *Planta* 226, 897-908.
13. Yuan, Y., Wu, H., Wang, N., Li, J., Zhao, W., Du, J., Wang, D, Ling, H.-Q. (2008). FIT interacts with AtbHLH38 and AtbHLH39 in regulating iron uptake gene expression for iron homeostatis in Arabidopsis.
- 35 14. Zhang, F., Gonzalez, A., Zhao, M., Payne, T., Lloyd, A. (2003) A network of redundant bHLH proteins functions in all TTG1-dependent pathways of Arabidopsis. *Development* 130, 4859-4869.

**Listado de secuencias**

- 5 <110> Performance Plants, Inc.  
Wan, Jiangxin  
Huang, Yafan
- <120> EXPRESIÓN DE REGULADORES DE LA TRANSCRIPCIÓN QUE PROPORCIONAN TOLERANCIA AL CALOR
- 10 <130> 22542-018 001 WO
- <150> US 61/221813
- <151> 2009-06-30
- 15 <160> 125
- <170> PatentIn version 3.5
- 20 <210> 1
- <211> 777
- <212> DNA
- <213> Arabidopsis thaliana
- 25 <400> 1
- 60 atgtgtgcat tagtacctcc attgtttcca aactttgggt ggccatcaac gggagagtac
- 120 gacagctact acctcgccgg agatatactc aacaacggcg ggtttcttga ttttccggta
- 180 ccggaggaga cttatggagc tgttacagcg gtgactcaac atcagaatag ctttgggtgtt
- 240 tctgtttcgt cggagggaaa tgaaatagac aacaatccgg tggtcgtcaa gaagcttaat
- 300 cacaatgcta gtgagcgtga ccgtcgcagg aaaattaact ctttgttctc atctctccgt
- 360 tcatgtcttc ctgcctctgg ccaatcgaag aagctaagca ttctctgcac ggtttctcga
- 420 agcttgaagt acataccaga gctgcaagag caagtgaaga agctaataaa aaagaaggaa
- 480 gagctcttgg tgcaaatttc aggtcaaaga aacactgaat gttacgttaa gcagccacca
- 540 aaggccgtcg cgaattatat ctgcaccgtt tctgcgacta ggcttgggtga caacgaagtg
- 600 atggtccaaa tctcatcgtc caagattcat aacttttcga tatctaagt ttaagtggg
- 660 ttagaagaag ataggtttgt tcttgtggac atgtcatctt caaggtctca aggagaaagg
- 720 cttttctaca ctttgcattt acaagtggag aagattgaaa attacaagct gaattgcgaa
- 777 gagttaagtc agaggatggt gtacttgtat gaggaatgtg gaaactcata tatatga
- 30 <210> 2
- <211> 222
- <212> DNA
- <213> Avena sativa

# ES 2 560 806 T3

<400> 2

60 gcacgaggcc tccctccgct ccctcctccc cgacaccgat cacagcaaga agctgagcat  
120 ccccatcact gtgacgcggg tgctcaagta catcccggag ctgcagaagc aggtggacac  
180 gctggagaag aagaaggaag agctgaccca ggcgaactgc aaaccaggag ttgtggccat  
222 gaaggagaac acggctccga tcgtgtccgc cacctgcctc ga

5

<210> 3

<211> 2091

<212> DNA

<213> *Brachypodium distachyon*

10

<400> 3

60 atggggcaca agcagctggt cgtggacgac cgttcgcga gcagcatctc gtctctggag  
120 gcggaggcca tcttctccgg cgccggcggg cagtggcgcg ccggcggcgg cctcgacgac  
180 cgtgacctct ccgcatgcc ggcggcggcc aacacctcgt cgggcggctc cggtctccc  
240 ggcgcgcgcg gcaggaagat gagccacaac gcgtacgagc gcgaccgccg caagcagctc  
300 aacgagctct actcctccct ccgctccctc ctccccgacg ccgaccacac cgtatgcaaa  
360 tcaaattgaa gccatagatc ataatttgat cctgaatcct gatggatctg gtgatgattt  
420 gactaattgc agaagaagct gagcatcccg atcacagtgt cgcggtgct aaagtacatc  
480 ccggagctgc agaaggaagt ggacgggctg gagaggaaga aggaggagct gacgcgcgcc

## ES 2 560 806 T3

540 aactgcaagc cgggggtgat cgccatgaag gaccagaacg ttgctcccgt cgtctccgcg  
600 acctgcctcg acgacaagga catcatggtt caggtcagct tgctcagcgg catggcggcg  
660 gcggtcttgc cgatgtccac gtgcataaag attctggaga acgaaggtct tcgcctcgtc  
720 agctcgtcca cttctgcctt tgggaacagg acgttctata acctccatct tcaggaatt  
780 ggtacatctg tctgcatgaa gccttaattt cctattggta attatcaatg tcatogatcc  
840 atgcttgctc gattcatttt ggcaaatttg cctcactact actcgacatc gtagtagaag  
900 agaaggaaaa aaaaaagccc agcatttttc tttgagaaac aaagcacaac attttctgct  
960 cccaagatcc attccgaaag ccgggtgcac aacactacga gtaaaaatcg tttcctctta  
1020 gttatataac gtgtggtacc ttcaacttaa atgagcatca gttgatgcag agtgggtacc  
1080 ctgttcggaa aagacttcaa catggcacca tcttcactag aggtcccca gccctaatt  
1140 cagacgaagg catcatttta gtccattaac cccggtaggt tgagattaca aaggctagat  
1200 ttatataacg gttttgctat ttctaaggcg actgagaaat aagtatttct aacaaccatt  
1260 tgatccaatc actgagattc gtgcaagatc catacatata caaagtatta gaaaacctta  
1320 atcggatgga tatgatcgtt gactgagaaa tagacacttc ttttatgtaa aggtgttta  
1380 ctatatatat gtgggttttg atatactcat attgaataga tttgaagatc atgtcaggcc  
1440 ctacttaggg taatctgttg tgaattaaa ctgtgttcat agggcaaaaa cattgtctta  
1500 taaatcagca caaatcaac gaattgggag tttttacgta acaaatataa attgtagcaa  
1560 cacaattaa ttggctacaa tacaatcaa gaacaacaag acgagtatac acggcaaacg  
1620 atcatgcata tggtgagttg gtgaccagat caccgctct actagatgct cctagatgca

# ES 2 560 806 T3

1680 tatggtgcc a taatttttagg aaaaccgaac tggaagaagc acctaaaaaa cgagtatgaa  
1740 atcatcaatc gaccaagatt agaggtcggc tcatcatcgc acaacatgaa caattaagat  
1800 gcatgctgga gaacagataa tctaacacag ccacagggtt attacaaaaa gcttaacaga  
1860 aacttcgcta aagcaaccaa agaatgagaa caaaaaaata tatcttctaa taacatgtgt  
1920 gtgctgttgt atagcatctg aaggcgtaat gcgaaactct aatttatctg aagtatgtag  
1980 tgcttatatg cttatataac atgtaaataa gcaatatata ttcattaatt tcatttaatt  
2040 tgtatactga aacagagaaa ccagcgaacg atgagcaagg agtgcccagc gttctgtgac  
2091 gagctggaga aagccatcaa gaaaaaggca ggactgcata tgcacagtg a

<210> 4

<211> 729

5 <212> DNA

<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 4

60 atggggcaca agcagctgtt cgtggacgac ccgttcgcga gcagcatctc gtctctggag  
120 gcggaggcca tcttctccgg cgcggcgagg cagtggcgcg ccggcgggcg cctcgcgac  
180 cgtgacctct ccgccatgcc ggcgggcgcc aacacctcgt cgggcggtc cggctctccc  
240 ggcgggcgcg gcaggaagat gagccacaac gcgtacgagc gcgaccgccc caagcagctc  
300 aacgagctct actcctccct ccgctccctc ctccccgacg ccgaccacac caagaagctg  
360 agcatcccga tcacagtgtc gcgggtgcta aagtacatcc cggagctgca gaaggaagtg  
420 gacgggctgg agaggaagaa ggagagctg acgcgcgcca actgcaagcc cggggtgatc  
480 gccatgaagg accagaacgt tgctcccgtc gtctccgcca cctgcctcga cgacaaggac  
10 540 atcatggttc aggtcagctt gctcagcggc atggcgggcg cggctctgcc gatgtccacg  
600 tgcataaaga ttctggagaa cgaaggtctt cgctctgca gctcgtccac ttctgccttt  
660 gggaaacagga cgttctataa cctccatctt cagagaaacc agcgaacgat gagcaaggag  
720 tgcccagcgt tctgtgacga gctggagaaa gccatcaaga aaaaggcagg actgcatatg  
729 catcagtga

ES 2 560 806 T3

<210> 5  
<211> 587  
<212> DNA  
5 <213> Brassica napus

<400> 5

60 aaaaaaaaaat tagaaaagaa gaaaagagtt tatcgggtct ctctcacgag tcacggcgtc  
120 gacgaaactg gaggtgaagc catctccgat cgagagtcgc cgtcatccct atcccactcc  
180 tgcaatatct actccgacgc tgtcgtcgtt aatttcggca cctcctcgcc aagtcccat  
240 cgtccctgtc gtgtgacgac tgtcactgtc catgcaacga ataaatactc tgtgtctgca  
300 tcgctttgac agtgcttggc gcttctatga tatgtcctcc ggtttatgct ttgccagat  
360 tcggaagaag atggggttgt tcttgttgat gtttcatctt ctaggctctca tggagaaagg  
420 ctcgtctaca gtttgcatct tcaaatggga aacataaata atcacgagct gacgtgcgaa  
480 gagctaagcc agagaatgta tacttgtatg aggaatgcgg aaactcgttt agatgataat  
540 ctgttcttgt ttcttttagt tatgtcatct gtttctcaac atgtaacatt catgtagccg  
587 agttgtttcg tttatTTTTc ttgtcgaaat caatgatcga ttatcgc

10 <210> 6  
<211> 595  
<212> DNA  
<213> Brassica napus

15 <400> 6

# ES 2 560 806 T3

60 gacggcgtcg acgaaactgg aggtgaagcc atctccgatc gagagtcgcc gtcaccccta  
120 tcccactcct gcaatatcta ctccgacgct gtcgctgtta atttcggcac ctccctcgcca  
180 agtcgccatc gtcctgtcgc tgtaagccct aggtctgatt tgtctttcct tttaaatcga  
240 cgaaattgaa attgtgcgag ctgtcactgt ccatgcaacg aataaatact ctgtgtctgc  
300 atcgctttga cagtgccttg tgcttctatg atatgtcctc cggtttatgc tttgccaga  
360 ttcggaagaa gatgggtttg ttcttgttga tgtttcatct tctaggtctc atggagaaa  
420 gctcgtctac agtttgcac ttcaaatggg aacataaat aatcacgagc tgacgtgcga  
480 agagctaagc cagagaaatgt atacttgtat gaggaatgcg gaaactcgtt tagatgataa  
540 tctgttcttg tttcttttag gttatgtcat ctgtttctca acatgtaaca ttcattgtagc  
595 cgagttggtt cgtttatattt cttgtcgaaa ttcaatgatc gattatcaca tttac

<210> 7

<211> 631

5 <212> DNA

<213> Brassica napus

<400> 7

60 gacgacaaaa aaaaaaatta gaaaagaaga aaagagttaa tcgggtctct ctccagagtc  
120 acggcgtcga cgaaactgga ggtgaagcca tctccgatcg agagtcgccg tcatccctat  
180 cccactcctg caatatctac tccgacgctg tcgctgttaa tttcggcacc tcctcgccaa  
240 gtcgccatcg tccctgtcgt gtaagcccta ggtgcgagct gtcactgtcc atgcaacgaa  
300 taaatactct gtgtctgcat cgctttgaca gtgcttggtg cttctatgat atgtcctccg  
360 gtttatgctt tgcccagatt cggaagaaga tggggttggt cttggtgatg tttcatcttc  
420 taggtctcat ggagaaaggc tcgtctacag tttgcatctt caaatgggaa acataaataa  
10 480 tcacgagctg acgtgcgaag agctaagcca gagaatgtat acttgtatga ggaatgcgga  
540 aactcgttta gatgataatc tgttcttgggt tcttttagtt atgtcatctg tttctcaaca  
600 tgtaacattc atgtagccga gttgtttcgt ttatcttctt gtcgaaatca atgatcgatt  
631 atcacattta catgctactg aatattgact g

ES 2 560 806 T3

<210> 8  
<211> 693  
<212> DNA  
5 <213> Brassica rapa

<400> 8

60 acgacaaaaa aaaattagaa aagaagaaaa gagtttatcg ggtctctctc acgagtcacg  
120 gcgctgcacga aactggaggt gaagccatct cggatcgaga gtcgccgtca tccctatccc  
180 actcctgcaa tatctactct gacgctgtcg tcgttaattt cggcacctcc tcgccaagtc  
240 gccatogtcc ctgctgtgta agccctaggt ctgatttgtc tttcctttta aatcgacgaa  
300 attgaaattg tgcgagctgt cactgtccat gcaacgaata aatactctgt gtctgcatcg  
360 ctttgacagt gcgtgggtgct tctatgatat gtcctctggt ttatgctttg cccagattcg  
420 gaagaagatg ggtttgttct ttgttgatgt ttcactctct aggtctcatg gagaaaggct  
480 cgtctacagt ttgcatcttc aaatgggaaa cataaataat cacgagctga cgtgcgaaga  
540 gctaagccag agaatgtata cctgtatgag gaatgcggaa actcgtttag atgataatct  
600 gttcttgttt ctttttgta tgcgtctgt ttctcaacat gtaacattca tntagccgag  
660 ttgtttcgtt tattttcttg tcgaaatcaa tgatcgatta tcacatttac atgctactga  
693 atattgactg attactatga aattcactaa tat

10  
<210> 9  
<211> 723  
<212> DNA  
15 <213> Glycine max

<400> 9

# ES 2 560 806 T3

60 atggttgctt tgttttcccc tccggtgttc tcaaccaagg gatggttctt agaagaagag  
120 ccattaagct atgatgtgtc ttcagattac tcatttcctt atcaattttt tgcaccacag  
180 acacagattg aacttgaaat agaaagggtcc tctgcacat ccctgaaga cctgccaatg  
240 gtcaaaaagc ttagccacaa cgctagttaa cgtgatcgcc gcaagaaggt taatgacttg  
300 gtttcttcac ttcgttctact tcttctctggg ccagatcaaa cgaaaaaat gagcattcca  
360 gctacagttt cgcgagtttt aaaatacata cctgagttac aacatcaagt gcaagcacta  
420 actaagaaaa aagaggagct tctgtgcaga atttcaaaaa atctcaaagg agattcgggtg  
480 aacaaagaat ctcaaaggag aatttcccat cacaattctg attttgetgt ttcaactagt  
540 aggetcaacg attgtgaagc tgttgttcac atttctcttt atgaggetca caaggctcca  
600 ctatccgaca tcttgcaatg tttagaaaat aatggccttt atttgctaaa tgcttcttcc  
660 tctgaaactt ttggaggaag ggtcttctac aacttgcatt tccaggtgga aaaactcat  
720 agattagagt ccgaaattct aactgagaag cttttgtcaa tatatgagaa gcaaggatt  
723 ttc

<210> 10

<211> 738

5 <212> DNA

<213> Hordeum vulgare

<400> 10

60 atggggcacc agaccagat gttcgacgac ccgttcgca gcagtatgtc gtcctggac  
10 120 gcagacatct tctccgtcgc cggcggcctc caccatcgc agtggccggg actcgaccac

# ES 2 560 806 T3

180 gacgtctcgc tggcgccggc tgccaacaac ggcacctcct ccggcgggta cggtcctccc  
240 gggggcggcg atggctcggg ctcccaccgc aagatcagcc acaacgcgta cgagcgggac  
300 cgccgcaagc agctcaacga gctctactcc gacctccgct ccctcctccc cgactccgat  
360 cacaccaaga agctgagcat tccgatcacg gtgtcgcggg tgctcaagta catcccggag  
420 ctgcagaagc aggtggacgg actggagaag aagaaggagg agcttacgag ggccagctgc  
480 aagccaggcg tattgaccat gaaggagaac acggctcccga tcgtgtccgc cacctgcctc  
540 gacgaaaggg agatcatggt ccaggttagc ttggtgagca ccatggccgg agctctgccc  
600 atgtccaagt gcatcaaagt gctggagaac gaaggcctcc gcctcatcag ctctgctcact  
660 tctgctttcc agaacaggac gttctatagc ctccatcttc agagaacca acggacgatg  
720 agcaaagagt gtccggcatt ttgtgaagaa ctggagaatg ccctgacgca gaaggcggga  
738 ctacgtctac atcaccag

<210> 11

<211> 723

5 <212> DNA

<213> *Panicum virgatum*

<400> 11

60 atgaccctt ctcgagcagc atctcgtcgc tggaggcgga catcttctcc gccggcggcc  
120 agcggcgcgt cgccgccgtg gccggacctc gaactcgacc tcgacctcga cgacgacgac  
180 atccaagacc tctccgcgcc ggcggccaac gccacctcct caggaggcta tggtcggggc  
240 ggaggctccg gcggctcca caggaagctc agccacaacg cgtacgagcg cgaccgcccg  
10 300 aagcagctca acgagctcta ctctcgcctc cgetccctcc tccccgacgc tgaccacact

# ES 2 560 806 T3

360 aagaagctga gcatccccac cacggtctcc cgagttctca agtacatccc cgagctgcag  
420 aagcaggtgg acaacctgga gaggaggaag aaggagctga cgaacgcca ctgcaaacca  
480 ggagttctga agacgagcca gattgtaact cccattgttt ctgctacctg cctcaacgat  
540 acggagatca tggttcaggt cagcctgcag agcaatgtgg ctgccacaag tcttcctctg  
600 tccaagtgca taaaagtgct ggagaacgaa ggccttcacc tgattagttc atcaacttac  
660 tccaccttcg acaacaggac attctatagc ctccatcttc agagaagtca aagaacgatg  
720 aaggaggagt gccagcatt ctgcatgaa ctggagagga ttatcaagaa gaaagcaggg  
723 gcg

<210> 12

<211> 351

5 <212> DNA

<213> *Solanum lycopersicum*

<400> 12

60 atgtagcca tttcttcttc ttctctctct ttatcttcta ctactactaa taattttggt  
120 tggcttttgg aagatcttat aagccatgaa ttaacaaata gtggagaaac ttcaaattca  
180 tctcaaaaaa gccttcaaca ttgtgattca aataaatttg atcaaattat tatcaacagt  
240 ggtgatcagt atcaacctga tcagacggtt aagaagctta atcataacgc aagtgaacgt  
300 gaccgtagaa agaaaatcaa cagcttatat tcttctcttc gttctttact acctccttct  
10 351 gatcatacga aaaagctaag cattccatca acagtatcaa gaattctaaa g

<210> 13

<211> 714

<212> DNA

15 <213> *Triticum aestivum*

<400> 13

# ES 2 560 806 T3

atggggcacc agcaccagat gttcaacgac cccttcgcca gcagcatgtc gtcaactggag  
60  
gaagacatgt tctccggtgc cggaggctac caccacctca cgccgtccat gcagtggccg  
120  
ggcttgata acgacatacc gtcggcgccg gctgccaaca acgccacctc ctccggtggc  
180  
tctggatcac accgcaagat gagtcacaac gcgtacgaac gtgaccgccg caagcagctc  
240  
aacgagcaat attcctccct ccgctccctc ctccccgacg atgatcacac caagaagatg  
300  
agcattccga ccacggtgtc gcgggtgatc aactacatcc cggagctgca gaaggaggta  
360  
gaccgcctgg agaagaagaa ggaggagctg aggcggggca gctgagca aggcccatg  
420  
aggcagaaca cggccccgat cgtgtccgcc acctgcctcg acgacagga gatcatggtc  
480  
caggtcagcc tggtagcac catggcgga gctctgcca tgtccaagtg catcaaggtg  
540  
ctggagaacc aaggccttcg cctcataaat tctcgaatt ccgcgtttca gaacaggacg  
600  
ttctacagcc tccatcttca gagaaccaa cggacaatga gcaaggagg ccaaacttt  
660  
tgtaacgaat tggagaacgc tgtgaagcaa aaggcgggac tacatctaca tcat  
714

<210> 14

<211> 617

5 <212> DNA

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> característica miscelánea

10 <222> (469)..(469)

<223> n e s a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea

15 <222> (504)..(505)

<223> n e s a, c, g, o t

<400> 14

20 60 atggggcacc agcaccagat gttcgaagac ccgttcgcca gcagcatatc gtcgctggag

# ES 2 560 806 T3

gcccagatat tctccgtcgc cggcggccac caccatacgc agtggccggg cctcgaccac  
120  
gacatcccgc tggccccggc tgccaataac ggcacctcct ccggcgggta cggtccccc  
180  
gggggcccgc atggctcggg ctcccatcgc aagatcagcc acaacgccta cgagcggac  
240  
cgccgcaagc agctcaacga gctctactcc gacctccgct ccctcctccc cgacaccgat  
300  
cacacgaaga agcttagcat tccgatcacg gtgtcggggg tgctcaagta catcccggag  
360  
ctgcagaagc aggtggacgg cctggagaag aagaaggagg agctgacgcg cgccagctgc  
420  
aagcccggcg tgctgaccat gaagggggac acggctccga tcgtgtccng ccactgcctc  
480  
gacgacaggg agatcatggt ccanngtcag ctggtgagca ccatggggcg agtctgccat  
540  
gtcaagtgct caggtgctga gacgaaggct cggctcatag tcgtcactcc ggttcagaca  
600  
gactctatat tcatctc  
617

<210> 15  
<211> 434  
5 <212> DNA  
<213> Triticum aestivum

<400> 15

atggggcacc agcaccagat gttcgaagac ccgttcgcca gcagcatatc gtcgctggag  
60  
gcggacatct tctccgtcgc cgccggccac caccatccgc agtggccggg cctcgaccac  
120  
gacgtcccgt tggcggccgc tgccaacaac ggcacatcct ccggcgggta cggtccccc  
180  
ggtggcggcg acggctcggg ctcccaccgc aagatcagcc acaacgcgta cgagcggac  
240  
cgccgcaagc agctcaacga gctctactcc gacctccgct ccctcctccc cgacaccgat  
300  
cacacgaaga aactgagcat tccgatcacg gtgtcggggg tgctcaagta catcccggag  
360  
ctgcagaagc aggtggacgg actggagaag aagaaggagg agctgacgcg cgccaactgc  
10 420  
agcccggcgt gctg  
434

<210> 16  
15 <211> 261  
<212> DNA  
<213> Triticum aestivum

<400> 16

20

# ES 2 560 806 T3

60 aacaacgcc a cctcctccgg cggctctgga tcaacccgaa agatgagtca caacgcgtac  
120 gagcgtgacc gccgcaagca gctcaacgag caatattcct ccctccgctc cctcctcccc  
180 gatgacgacc acaataagaa gatgagcatt ccgaccacgg tgctcgcggt gatcaagtac  
240 atccccggagc tgcagaagga ggtagacggc ctggagaaga agaaggagga gctgaggcgg  
261 gccagctacg agcaagcgcc a

5 <210> 17  
<211> 228  
<212> DNA  
<213> Zea mays

<400> 17

60 cgtgtcccga gttctcaagt acatcccgga gctgcagaag caggtggaca acctggagag  
120 gaggaagaag gagctgacca acgccaactg caagccggga gttctgaaaa ccaccaaggc  
180 cgtaactccc attgtttctg ctacctgct caacgacacg gagatcatgg ttcaggtcag  
10 228 cctgcacagc gatgtggccg ccacagctct ccctctctcc aagtgc at

15 <210> 18  
<211> 258  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 18

20 Met Cys Ala Leu Val Pro Pro Leu Phe Pro Asn Phe Gly Trp Pro Ser  
1 5 10 15

# ES 2 560 806 T3

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

- 5 <210> 19
- <211> 158
- <212> PRT
- <213> Avena sativa

- 10 <400> 19

# ES 2 560 806 T3

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

<210> 20

5 <211> 242

<212> PRT

<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 20

10

# ES 2 560 806 T3

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

His Gln

- 5 <210> 21
- <211> 241
- <212> PRT
- <213> Glycine max

- 10 <400> 21

# ES 2 560 806 T3

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

Phe

5

<210> 22

<211> 246

<212> PRT

<213> Hordeum vulgare

10

<400> 22

# ES 2 560 806 T3

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

- 5 <210> 23  
 <211> 241  
 <212> PRT  
 <213> Panicum virgatum

ES 2 560 806 T3

<400> 23

Met Thr Pro Ser Arg Ala Ala Ser Arg Arg Trp Arg Arg Thr Ser Ser  
 1 5 10 15

Pro Pro Ala Ala Ser Gly Ala Ser Pro Pro Trp Pro Asp Leu Glu Leu  
 20 25 30

Asp Leu Asp Leu Asp Asp Asp Asp Ile His Asp Leu Ser Ala Pro Ala  
 35 40 45

Ala Asn Ala Thr Ser Ser Gly Gly Tyr Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly  
 50 55 60

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

Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Asp  
 85 90 95

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

Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Asp Asn Leu Glu Arg  
 115 120 125

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

Thr Ser Gln Ile Val Thr Pro Ile Val Ser Ala Thr Cys Leu Asn Asp  
 145 150 155 160

Thr Glu Ile Met Val Gln Val Ser Leu Gln Ser Asn Val Ala Ala Thr  
 165 170 175

Ser Leu Pro Leu Ser Lys Cys Ile Lys Val Leu Glu Asn Glu Gly Leu  
 180 185 190

His Leu Ile Ser Ser Ser Thr Tyr Ser Thr Phe Asp Asn Arg Thr Phe  
 195 200 205

Tyr Ser Leu His Leu Gln Arg Ser Gln Arg Thr Met Lys Glu Glu Cys  
 210 215 220

Pro Ala Phe Cys Asp Glu Leu Glu Arg Ile Ile Lys Lys Lys Ala Gly  
 225 230 235 240

5 Ala

<210> 24

<211> 117

<212> PRT

10 <213> Solanum lycopersicum

<400> 24

# ES 2 560 806 T3

Met Leu Ala Ile Ser Ser Ser Ser Pro Pro Leu Phe Ser Thr Thr Thr  
 1 5 10 15

Asn Asn Phe Gly Trp Leu Leu Glu Asp Leu Ile Ser His Glu Leu Thr  
 20 25 30

Asn Ser Gly Glu Thr Ser Asn Ser Ser Gln Lys Ser Leu Gln His Cys  
 35 40 45

Asp Ser Asn Lys Phe Asp Gln Ile Ile Ile Asn Ser Gly Asp Gln Tyr  
 50 55 60

Gln Pro Asp Gln Thr Val Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg  
 65 70 75 80

Asp Arg Arg Lys Lys Ile Asn Ser Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu  
 85 90 95

Leu Pro Pro Ser Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ser Thr Val  
 100 105 110

Ser Arg Ile Leu Lys  
 115

<210> 25  
 5 <211> 238  
 <212> PRT  
 <213> Triticum aestivum

<400> 25

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

Ser Ser Leu Glu Glu Asp Met Phe Ser Gly Ala Gly Gly Tyr His His  
 20 25 30

Leu Thr Pro Ser Met Gln Trp Pro Gly Leu Asp Asn Asp Ile Pro Ser  
 35 40 45

Ala Pro Ala Ala Asn Asn Ala Thr Ser Ser Gly Gly Ser Gly Ser His  
 50 55 60



# ES 2 560 806 T3

Met Gly His Gln His Gln Met Phe Glu Asp Pro Phe Ala Ser Ser Ile  
 1 5 10 15

Ser Ser Leu Glu Ala Glu Ile Phe Ser Val Ala Gly Gly His His His  
 20 25 30

Thr Gln Trp Pro Gly Leu Asp His Asp Ile Pro Leu Ala Pro Ala Ala  
 35 40 45

Asn Asn Gly Thr Ser Ser Gly Gly Tyr Gly Ser Pro Gly Gly Gly Asp  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser His Arg Lys Ile Ser His Asn Ala Tyr Glu Arg Asp  
 65 70 75 80

Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Asp Leu Arg Ser Leu Leu  
 85 90 95

Pro Asp Thr Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ile Thr Val Ser  
 100 105 110

Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Asp Gly Leu  
 115 120 125

Glu Lys Lys Lys Glu Glu Leu Thr Arg Ala Ser Cys Lys Pro Gly Val  
 130 135 140

Leu Thr Met Lys Gly Asp Thr Ala Pro Ile Val Ser Xaa His Cys Leu  
 145 150 155 160

Asp Asp Arg Glu Ile Met Val Xaa Xaa Gln Leu Val Ser Thr Met Gly  
 165 170 175

Gly Val Cys His Val Lys Cys Ser Gly Ala Glu Thr Lys Ala Arg Leu  
 180 185 190

Ile Val Val Thr Pro Val Gln Thr Asp Ser Ile Phe Ile Ser  
 195 200 205

<210> 27

<211> 144

5 <212> PRT

<213> Triticum aestivum

<400> 27

# ES 2 560 806 T3

Met Gly His Gln His Gln Met Phe Glu Asp Pro Phe Ala Ser Ser Ile  
 1 5 10 15

Ser Ser Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ser Val Ala Ala Gly His His His  
 20 25 30

Pro Gln Trp Pro Gly Leu Asp His Asp Val Pro Leu Ala Pro Ala Ala  
 35 40 45

Asn Asn Gly Thr Ser Ser Gly Gly Tyr Gly Ser Pro Gly Gly Gly Asp  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser His Arg Lys Ile Ser His Asn Ala Tyr Glu Arg Asp  
 65 70 75 80

Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Asp Leu Arg Ser Leu Leu  
 85 90 95

Pro Asp Thr Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ile Thr Val Ser  
 100 105 110

Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Asp Gly Leu  
 115 120 125

Glu Lys Lys Lys Glu Glu Leu Thr Arg Ala Asn Cys Ser Pro Ala Cys  
 130 135 140

<210> 28

<211> 87

5 <212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

<400> 28

Asn Asn Ala Thr Ser Ser Gly Gly Ser Gly Ser His Arg Lys Met Ser  
 1 5 10 15

10 His Asn Ala Tyr Glu Arg Asp Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Gln Tyr  
 20 25 30

Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Asp Asp Asp His Asn Lys Lys Met  
 35 40 45

Ser Ile Pro Thr Thr Val Ser Arg Val Ile Lys Tyr Ile Pro Glu Leu  
 50 55 60

Gln Lys Glu Val Asp Gly Leu Glu Lys Lys Lys Glu Glu Leu Arg Arg  
 65 70 75 80

Ala Ser Tyr Glu Gln Ala Pro  
 85

<210> 29

<211> 762

15 <212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

# ES 2 560 806 T3

<400> 29

60 atgtgtgcat tagtcccttc atttttcaca aacttcggtt ggccgtcaac gaatcaatac  
120 gaaagctatt acggtgccgg agataaccta aataacggca catttcttga attgacggta  
180 ccacagactt atgaagtgac tcatcatcag aatagcttgg gagtatctgt ttcgtcagaa  
240 ggaaatgaga tagacaacaa tccggttggtg gtcaagaagc ttaatcacia tgctagtgaa  
300 cgtgaccgac gcaagaagat caacactttg ttctcatctc tccgttcatg tttccagct  
360 tctgatcaat cgaagaagct aagtattcct gaaacggttt caaagagctt aaagtacata  
420 ccagagctgc aacagcaagt gaagaggcta atacaaaaga aggaagaaat tttggtacga  
480 gtatcgggtc aaagagactt tgagctttac gataagcagc aaccaaaggc ggtcgcgagt  
540 tatctctcaa cggtttctgc cactaggctt ggtgacaacg aagtgatggt ccaagtctca  
600 tctccaaga ttcataactt ttcgatatca aatgtggttg gtgggataga agaagatggg  
660 tttgttcttg tggatgtttc atcatcaaga tctcaaggag agaggctctt ctacactttg  
720 catcttcaag tggagaatat ggatgattac aagattaatt gcgaagaatt aagtgaaag  
762 atgttgact tgtacgagaa atgtgaaaac tcgtttaact ag

5

<210> 30

<211> 753

<212> DNA

10 <213> Brassica napus

<400> 30

# ES 2 560 806 T3

60 atgtgtgcat tagtccctcc attgttccca aactttgggt ggccgctcgac aggagagtac  
120 gagagtaact acctggccgg agtgaacctc gaggacttta cgtttcttga ttttccggca  
180 ccagagacat atggagtgga acatcatcag gagattcagg aaatgttggg ggtctctggt  
240 ccgtccgagg ggaatggagt tgtaaccaag aagcttaatc acaatgctag tgagcgtgac  
300 cgtcgcaaga agatcaactc tttgttctcg tctctccggt catgtctccc agcttctgat  
360 caaacgaaga agctaagtat tcctcagacg gtttctcgga gcttgaagta cattocagag  
420 ctgcaagagc aagtgaagaa gctaatacaa aagaaggaag aactcttggg gcgagtatca  
480 ggtcaaagag ccattgaaca ttatgttgag ccgcagccaa aggccgttgc acgttacgtc  
540 tcgaccattt ctgcgactaa gcttggagac aacgaagtgc tgggtccaaat ctcatcgtcc  
600 aagaatcata acttttctgat atctaagtg ttgagtgggt tagaagaaga tgggtttggt  
660 cttgttgatg tttcatcttc caggtatcat ggaaaatggc tcttctactc tttgcatctt  
720 caaatgggaa ataaagataa tcacaaactg aagtgcgaag agctaagcca gagaattttg  
753 tacttgatg aggaatgtga aaactcattt aga

<210> 31

<211> 765

5 <212> DNA

<213> Brassica oleracea

<220>

<221> característica miscelánea

10 <222> (758)..(760)

<223> n e s a , c , g , o t

<400> 31

# ES 2 560 806 T3

60 atgtgtgcat tagtccctcc actgttcccc gactttgggt ggccgctcgac ggcaggttac  
120 gagagctact acctcggcgg agaaaacctc aacaacgaca tgtttcttga ttttccggtt  
180 gtggaaactt atggagtatt ggctcatcat cagaacagct taggagtttc tgtttcgctg  
240 gagggaaatg gaatagacaa caaccogggt gttaaaaaga agcttaatca caatgctagt  
300 gagcgtgacc gtcgcaagaa gatcaactct ttgtttgcac ctctccgctc atgtcttcca  
360 acctcagatc aatcgaaaaa gctaagcatt tcagccaccg tttcacgaag cttgaagtac  
420 ataccagagt tgcaagagca agtgaagaag ttattacaaa agaaggaaga actcttggtt  
480 cgagtatcag gtcaacgaga cattgaactt tacgttaagc cacaaccaa ggcaattgca  
540 agttatgtct ccaactgtttc cgcgactagg cttggagaca acgaagtgat ggtccaaatc  
600 tcatcatcca agattcataa cttctcgata tctaaagtgt taactgggtt agaagaagat  
660 ggttttgttc ttgtggatgt ttcattctca aggtttcaag gggaaaggct tttctacact  
720 ttgcatcttc aagtagaaaa tatggatgat cattacaaaa tgaattgcca agagttaagt  
765 gaaaggatgt tgtacttgta cgaggatgt gaaaattnnn ttagg

<210> 32

<211> 435

5 <212> DNA

<213> Brassica rapa

<400> 32

10 60 attcctcaga cggtttctcg gagcttgaag tacataccag agctacaaga gcaagtgaag  
120 aagctaatac aaaagaagga agaactcttg gtgcgagtat cagggtcaaag agacattgaa  
180 cattacgttg agccgcaccc aaaggccggt gcacgttacg tctcgacat tttctgact  
240 aagcttgag acaacgaagt gatggtccaa atctcatcgt ccaagaatca taactttctg  
300 atatctaag tgttgagtgg gttagaagaa gatggggttg ttcttgttga tgtttcatct  
360 tcaaggcttc atggagaaa gctcttctac actttgcatc ttcaaatggg aaataaagat  
420 gattacaaac tgacatgcca agagctacgc cagagaatgt tatacttgta tgaggaatgt  
435 ggaaactcgt ttaga

ES 2 560 806 T3

<210> 33  
<211> 300  
<212> DNA  
5 <213> Cicer arietinum

<400> 33

attccaactc cctcacaagc cacaagcagc gaccttagca tggtaagaa acttatccgc  
60  
aatgctagtg aacgagatcg ccgcaagaaa atcaatactt tgtattcttc acttcgttca  
120  
cttcttctcg tggcagaaca gatgaagaag ttgagcaatc cggcaacaat ttcacgagtc  
180  
ctaaagtaca tacgtgagtt acagaagcag gtagaaggac tacttacgag aaaggaggcg  
240  
atthtattga aactatctcc agaagtagat gaggtgaaga gtaaagaatc tgagaggaag  
300

10 <210> 34  
<211> 501  
<212> DNA  
15 <213> Hordeum vulgare

<400> 34

agcgaccgcc gcaagcagct caacgagcaa tattctctcc tccgctccct cctccccgat  
60  
gacgatcaca ataagaagat gagcattccg accacgggtg cgcggtgat caagtacatc  
120  
ccggagctac agaaggaggt cgacggtctg gagaagaaga aggaggagct caggcgagct  
180  
agcagcgagc aaggcggtgct gactatgagg cagaacacgg ctctctgctg ctccgccacc  
240  
tgctctgacg acagggaaat catggtccag gtcagtctgg tgagcaccat ggccgcagct  
300  
ctgcccattg ccaagtgcac caaggtgctg gagaacgaag gccttcgctt cataaattcc  
360  
tcgacttccg cgttccagaa caggaccttc tatagcctcc atcttcagag aaccaacga  
420  
acaatgagca aggagggcca aacattttgt aacgaactgg agaacgccgt gaagcaaaaag  
480  
gcaggactgc atctgcatca t

20 501  
<210> 35  
<211> 759  
<212> DNA  
25 <213> Hordeum vulgare

<400> 35

# ES 2 560 806 T3

60 atggggcacc agaccagat gttcgacgac ccgttcgcca gcagtatgtc gtccctggac  
120 gcagacatct tctccgtcgc cggcggcctc caccatcgc agtggccggg actcgaccac  
180 gacgtctcgc tggcgccggc tgccaacaac ggcacctcct ccggcggcta cggtcccc  
240 gggggcggcg atggctcggg ctcccaccgc aagatcagcc acaacgcgta cgagcgcgac  
300 cggcgaagc agctcaacga gctctactcc gacctccgct ccctcctccc cgactccgat  
360 cacaccaaga agctgagcat tccgatcacg gtgtcgcgcg tgctcaagta catcccgag  
420 ctgcagaagc aggtggacgg actggagaag aagaaggagg agcttacgcg ggccagctgc  
480 aagccaggcg tattgacat gaaggagaac acgggtcccga tcgtgtccgc cacctgcctc  
540 gacgaaaggg agatcatggt ccaggttagc ttggtgagca ccatggcggg agctctgcc  
600 atgtccaagc gcatcaaagt gctggagaac gaaggcctcc gcctcatcag ctcgtccact  
660 tctgctttcc agaacaggac gttctatagc ctccatcttc agagaacca acggacgatg  
720 agcaaagagt gtccggcatt ttgtgaagaa ctggagaatg ccctgacgca gaaggcgggg  
759 tacgtctaca tcaccagtag attatatgta gcagaataa

5 <210> 36  
<211> 767  
<212> DNA  
<213> *Medicago truncatula*

10 <400> 36

## ES 2 560 806 T3

60 atgtagcga tatctctcc tatgtttca acaattggat ggcccttga ggagcctta  
120 agccataacc agcatcagaa ttcattctac aaagacactg ttgatcaatt atttaatttt  
180 catgatcaag ttgaggcaga aattaattca acagatccct cacaatccac aagcagtgac  
240 cttagcatgg tcaagaagct tgttcataat gccagtgaac gcgatcgccg caagaagatc  
300 aataatttgt attcatcact tcgatcactc cttctgttt ctgatcaaat gaaattaagc  
360 attccgggaa caatttctag agtctgaaa tacatacctg aattacagaa tcaagtagag  
420 ggactaatta agagaaagga tgagatctta ttgggacttt ctccacaagt agaagagttt  
480 attctaagca aagaatctca aaggaagaag catagttaca actctggttt ttagatttca  
540 agtagtaggc tcaatgatag tgaaattacc attcagattt catgttacac tgtccaaaag  
600 attccacttt ctgagatctt gatttgtttg gaaaatgatg gccttttgct gcttaatggt  
660 tcttcatcaa agacctttgg agggagggtc ttctataatt tgcatttcca ggtggataaa  
720 acacagatat tagaatctca tattctaaat gagaagctct tatcaataat ggagaaggaa  
767 ggagagtttt taaaacaata attaaagttt aggatttggc tctttaa

<210> 37

<211> 780

5 <212> DNA

<213> *Medicago truncatula*

<400> 37

# ES 2 560 806 T3

atggttgcat tctgcccacc tcagttctca tactcaaaca tgggatggct cttagaggag  
60  
ttagagccag agtccttaat tagtcataaa gagaagaact atgcatcttt agagtactcg  
120  
ttaccgtatc atcaattctc ttcaccaaag gaacatgttg aaattgaaag gccaccatcc  
180  
cctaaactta tggccaagaa acttaaccac aatgctagtg aacgtgatcg cogcaagaag  
240  
attaatagct tgatttcttc acttcgttca cttcttcccg gtgaagatca aacgaaaaaa  
300  
atgagcattc cggtacaat ttcacgtgtc ttaaaataca tccctgattt acaaagcag  
360  
gtgcaaggac ttaccaagaa aaaagaagag cttctatcaa gaatttctca tcgacaagaa  
420  
tatgcagtta acaaagaatc acaaaggaag aaaattcca attacaatto tgcttttga  
480  
gtttcaacaa gtaggcttaa tgatactgag cttgttattc atatttcgtc ttatgaggcc  
540  
aacaagattc ctctatctga gatcttgatg tgtttagaaa ataatggtct tcttctactt  
600  
aactcttctt cttctaaaac ctttggaggg aggtcttctt ataacttga ttttcaggtg  
660  
gataaaactc aaagatatga gtgtgatgat ctgattcaaa agctttcttc aatatatgag  
720  
aagcagcaaa ataatcattt gggcactatg gatcaaacga tcaatagtgg tctgatatat  
780

<210> 38

<211> 300

5 <212> DNA

<213> *Medicago truncatula*

<400> 38

atgtagcga tatctctcc tatgttttca acaattggat ggcctttga ggagccttta  
60  
agccataacc agcatcagaa ttcattctac aaagacactg ttgatcaatt atttaatttt  
10 120  
catgatcaag ttgaggcaga aattaattca acagatccct cacaatccac aagcagtgac  
180  
cttagcatgg tcaagaaget tgttcattat gccagtgaac gcgatcgccg caagaagatc  
240  
aataatttgt attcatcact tcgatcactc cttcctgttt ctgatcaaat ggtacttaat  
300

<210> 39

<211> 690

15 <212> DNA

<213> *Panicum virgatum*

<400> 39

20

# ES 2 560 806 T3

60 atggagcacc agctgttcga tgaccccttc tctagcagca tctcgtcgtt ggaggcggac  
120 atcttctccg ccggcggcca gctgccgtcg ccgccgtggc cggacctcga cctcgacctc  
180 gacgacgacg acatccacga cctctccgcg ccgaccggca accccacctc ctcaggaggc  
240 tatggctcgg gcggaggctc cggaggctcc cacaggaagc acagccacaa cgcgtacgag  
300 cgcgaccgcc ggaagcagct caacgagctc tactcctcgc tccgctcctt cctccccgac  
360 gctgaccaca ctaagaagct gagcatcccc accacggtct cccgagttct caagtacatc  
420 cccgagctgc agaagcaggt ggacaacctg gagaggagga agaaagagct gacgaacgcc  
480 aactgcaaac caggagttct gaacacgagc cagattgtaa ctcccattgt ttctgctact  
540 tgcctcaacg atacggagat catggttcag gtcagcctgc acagcaacgt ggctgccaca  
600 agtcttcttc tgtccaagtg cataaaagtg atggagaatg aaggccttca cctaattagt  
660 tcatcaactt actccacctt cgacaacagg acattctata gcctccatgt tcagagaagt  
690 caaagaacga tgaaagagga gtgccccagca

<210> 40

<211> 549

5 <212> DNA

<213> Populus

<400> 40

# ES 2 560 806 T3

atggtcaaga aacttagcca caacgctaata gaacgtgacc gtcgcaagaa gattaanaagt  
60  
ttgtattctt cacttcgttc acttctccca gcagcagatc aatgaagaa attaagcgtg  
120  
ccggccactg tttcacgtgc gcttaagtac ctaccagagc ttcaacagca agtggagaga  
180  
ctggttcaaa gaaaggagga gcttttatca aagttatcaa agcaaggtgg tataattcat  
240  
caagaaaatc aaagaaatga caccgtgtat agctctttat catcgtgatc ggcaagccag  
300  
cttagtgata gagaagttgt cgttcatatt tccacttaca agaaccataa aagtcatta  
360  
tcagaaatct tgctcacctt agaggaagat ggacttgttc taaaaactc ttcttcttt  
420  
gagtcatttg gggacagggc cttctataat ttacatcttc aggtcatgga aggaacttac  
480  
acattggata gtgaggccat gaggcgaag cttgtgtctt tatctgtaa gagggaatca  
540  
tcgtctcta  
549

<210> 41

<211> 795

5 <212> DNA

<213> Populus

<400> 41

atgttagaag aattatctcc catcagtttg ttctcaacat ttggatggcc cttggaggaa  
60  
gccataagcc atgaacagca ctacagcttt agagatggtg aaactccaga gtcatttact  
120  
cacttcctc catctcagcc agatgtaaga cagcttgatc gtcacatc attcacggcc  
180  
cacagtggaa gcggtgacc tagcatggct aagaagctta accacaacgc tagcgaacgt  
240  
gaccgtcgca aaaagatcaa cagtttgtat tcttactcc gttcactact tctgcagcc  
300  
gatcaaagga agaaattaag cataccgtat acagtttcac gtgtgcttgt atacatacca  
10 360

# ES 2 560 806 T3

aaacttcaac aacaagtgga gagactgatt caaaggaagg aggagcttct atcgaagtta  
420  
tctaggcaag ctgacgattt aactcatcaa gaaaatcaaa gaaaaggcac catgtatagc  
480  
tctttatcat cggtatcggc gagccggctc agtgacaggg aagttgtcat tcatatctca  
540  
actaacaagc tccatagaag ttcattatca gaaatcttgg ttaatttaga ggaggtgga  
600  
cttcttctac taaattcttc ttccttcgag tcctttggag gcagagtctt ctataattta  
660  
caccttcagg ccatggaag aacttacaca gtagagtgcg aggccttgaa tgagaggctt  
720  
gtgtccttgt gcgagaagag ggagtcattg tttccattaa attcaagttc tccatattct  
780  
aactgtgtat tctag  
795

<210> 42

<211> 474

5 <212> DNA

<213> Populus

<400> 42

gatcctaaca tggttaagaa gcttaaccac aacgctagcg aacgtgatcg tcgcaagaag  
60  
atcaacagtt tgtattcttc actccgttca cttcttccag cttccgatgg aatgaagaaa  
120  
ttaagcatac cgtccacaat ttcacgtgtg ctttaagtaca taccagaact tcaacagcaa  
180  
gtggagagac agatccaaag gaaggaggag cttctatcaa atctatctcg gcaagatgat  
240  
ttaattcatc aagaaaatca aagaaaagac accatgtata gctctttatc atcggtatcg  
300  
gcaagccggc ttggtgatag agaagttgtc gttcaaattt ccacttgcaa ggtccttaaa  
360  
agcccaatat cagaaatctt gcttaattta gaggaaaatg gacttgttct aataaattct  
420  
tcttcctttg agtccttttg aggcaacgtc ttctaccatt tacatcttca ggta  
474

10

<210> 43

<211> 774

<212> DNA

15 <213> Ricinus communis

<400> 43

# ES 2 560 806 T3

60 atgtagcat tatctctcc tgtatttoca acaactgaat ggcccttaga ggaccctta  
120 ggcattgacc aaatctccta cttctgtaga gaaactcagc ctgctactgc tgettttctt  
180 ccatcttatac agcaagagtt attattatta gagcttgatc atcaacaatc cacatctttc  
240 acagcctata atagcagtgg tggtagcgt aacgatatgg tgaagaagct taatcataat  
300 gcaagcgaac gtgatcgtcg caagaagatg aacaccctct attcttccct cggatcacta  
360 tttccggccg cggatgaaat gaagaagctg agtatacctg ccacaatttc gaggggtgtt  
420 aagtacatac cagaactaca agaacagtta gagagattgg tccaaaggaa ggaagagatt  
480 ttgctaagaa tatctaagca aaatcatatt gttaatcccc aaataaacca aagaaaaggc  
540 acttctcaca gcagtttatac agtagtatca gctaatcaaa ttagtgacaa agaagccatt  
600 attcaaattt ctacgtacag taatactatac catacaagtc cactatcaga aatcttgctt  
660 cttttggagg aggaaggcct tcttttgatt aattcttctt ccgctgaatc ctttgggtggc  
720 aggtcttca acaatttaca tgttcaggtt gatgatactt atacattgga atgtgatgct  
774 ttaagtgaga agcttgcatac tctgtatgcc aagagggacg ggctgttccc atga

<210> 44

<211> 555

5 <212> DNA

<213> Ricinus communis

<400> 44

60 atggtcaaga agcttaatca taatgcaagc gaaagggatc gccgcaagaa gatgaaact  
10 120 ctctattctt cctccgatc acttcttccg gcctccgatc aaatgaagaa gctgagcata

# ES 2 560 806 T3

180 cctgccacaa tttccagggt gttgaagtac ataccagaac tacaacaaca attggagaga  
240 ttcgtccaaa ggaaagaaga actattactg agaatatcta agcagaatca tattattaat  
300 ccccaaataa accaaagaaa aggcactact cacagcacct tatcagtagt atcagcta  
360 caaattagtg acaaagaagt tgttattcaa gtttctactt acaataatac tatccataca  
420 agtccattat cagaaatctt gcttctctg gaggaggaag gccttcttct gattaattct  
480 tcctcctttg agtcctttgg aggcagggtc ttctacaatt tacatcttca ggttgatgga  
540 acttatatat tggagtgtga tgctttaagc gagaagcttg cagctttata tgagagagac  
555 gggttatttc catga

<210> 45

<211> 717

5 <212> DNA

<213> *Solanum lycopersicum*

<400> 45

60 acaacgataa taactacgcc tcaatttcaa actgatcaga ataacaagtt gtttgaaggt  
120 ttacgtgccg ataatactat tgatttacct tcatctcatc attatcaaca acaatgtttg  
180 aaaggaagtg agtttgatgt tgatgagtta ggggtagaaa ggtcattaat ggagaagaag  
240 ctaaatacata atgcaagtga acgtaataga aggaagaaga tgaattttct ttattcaact  
300 cttcgttctt tgcttctcc tcctactaat aaacatcaaa agaaaaaatt aagctttcca  
360 gcaacagtat catatgtaca agaatacatc ccagagttga agaaagaat agagaggcta  
420 agcaaaacaa aagatttgct tttatcaaag aaatcaaatt attcattact caaattgat  
10 480 gataataata agagaaaatt aattattggt ggaacttctt gtaattcttc aacaacatca  
540 atttgtgcaa gtcaactaag taattcacia gttttggtac aaatttcaac aactcaagaa  
600 aataattttc caatttcaca agtatttgca agtgtagagg aagatggatt aattttgcta  
660 aatgcatcat cctttaaatc ttttgagagc aagatttttc acagcttgca ttttcagatg  
717 caaggaccaa ttgaaatgga cattcaggtt ttgaagacta agcttttagt aatgtgt

<210> 46

15 <211> 642

# ES 2 560 806 T3

<212> DNA

<213> Sorghum bicolor

<400> 46

5

atggaccatc agctgttcga cgaccccttc gggagcagca tctcgtcgtt ggaggcggac  
60  
atcttctccg cgggcggcgg cggacagctg cgtcgcgccg cgtggccgga cctcgacctc  
120  
gacgacgact acgacataca cgacctctcc gcgccggccg ccaacgccgc cacctcctcg  
180  
ggaggaggct atggctccgg cggctccggc aggaagctca gccacaacgc atacgagcgc  
240  
gaccgccgga agcagctcaa cgagctctac tctcgtctcc gatccctcct cccggacgct  
300  
gatcacacta agaagctgag catccccacc accgtgtccc gagtttctca caccaaagag  
360  
atcgtaactc ccattgtttc tgctacttgc cttaacgaca cggagatcat ggttcaggtc  
420  
agcctgcaca gcaatgtggc cgccacagct ctccctctct ccaagtgcac aaaggtgcta  
480  
gaaaacgaag gccttctcct cgtcagctca tcaacctact ccaccttcga gaacaagaca  
540  
ttctatagcc tccatcttca gagaagtcaa agaacgatga aggagcagtg cccaggattc  
600  
tgcgacgaac tggagaagat cgtcaggaag aaagcagggg cg  
642

<210> 47

<211> 672

10

<212> DNA

<213> Triticum aestivum

<400> 47

# ES 2 560 806 T3

60 atggagcatc aactattcga cgacgccgtc ccgagcagca tgatctggcc gttagaggca  
gaaaacggtt tcaccgacga gctgccgtct ttgcagttac cggacgtgga ccttgacttc  
120 gacatccacg agttctccgc accggcaacg gcaccggcga aagcggcctc ctcggtggc  
180 tccggattgg ttggttccgg ttcaggatcg cataagaagc tcaaccacaa cgcgtacgag  
240 cgcgaccggc ggacgcagct caatcagctc tactcgactc tccgttctct catccccaac  
300 gcagatcaca caaagaagct gagcattccg acgacgggtg gtcaggtcct cgactacata  
360 cccaagctgc agaagcaggt cgaggatctc aagaagaaga aacaggagct cagtacagcc  
420 aatgcagag aaagactgca gcgcgtcaag gacaacacat gccgtattgt ttctgccact  
480 cctctcgatg gcaacgaaat catggtccag gttagcctgc tgagcaacat ggctgcaagt  
540 cttctctat ccaagtgc ataacgtat ttttacagct tccacttga ggtacgtttt  
600 tcgactttct ccaccgaggt caatagaaca ttttacagct tccacttga ggtacgtttt  
660 tacatgccc ct  
672

<210> 48  
<211> 390  
5 <212> DNA  
<213> Triticum aestivum

<220>  
10 <221> característica miscelánea  
<222> (195)..(195)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
15 <221> característica miscelánea  
<222> (201)..(201)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
20 <221> característica miscelánea  
<222> (215)..(215)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
25 <221> característica miscelánea  
<222> (240)..(240)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
30 <221> característica miscelánea  
<222> (244)..(244)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
<221> característica miscelánea

ES 2 560 806 T3

<222> (301)..(301)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
5 <221> característica miscelánea  
<222> (340)..(340)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
10 <221> característica miscelánea  
<222> (342)..(342)  
<223> n es a, c, g, o t

<220>  
15 <221> característica miscelánea  
<222> (379)..(380)  
<223> n es a, c, g, o t

<400> 48  
20  
60 ggcgatggct cgggctccca tcgcaagatc agccacaacg cctacgagcg cgaccgccgc  
120 aagcagctca acgagctcta ctccgacctc cgctccctcc tccccgacac cgatcacacg  
180 aagaagctta gcattccgat cacggtgtcg cgggtgctca agtacaatccc ggagctgcag  
240 aagcagtggg cttgnagaaa naaagaagga ggagntgacg cgcgccaact gcaacccggn  
300 gtgntgacca tgaaggggaa cacggtccga ttgttccgcc acctgcctcg acgacagggg  
360 nattatggtc caagtcaacc tggtagacac atggccggan tntgcccatt tcaaatgcat  
390 caaagtgctg gaaaacaann gctccgggtca

<210> 49  
<211> 459  
25 <212> DNA  
<213> Triticum aestivum

<400> 49

# ES 2 560 806 T3

60 atggagcagc tgttcgtcga cgaccagcc ttcgcgagca gcatgtcgtc gcttgaggcg  
120 gacatcttct cgggcgccgg ccagctgccg tcctcgccgt ggctggacct agacctcgac  
180 gacgatgtcc aagacctctc catggcgccg acgacggcga acgcggtgtc ctccggctac  
240 ggctccggcg gatccggctc ccacaggaag ctcagccaca acgcctacga gcgcgaccgc  
300 cggaagcagc tcaacgagct ctactcctcc ctccgcgtc tcctccccga cgccgatcac  
360 actaagaagc tgagcatccc gacgacggtg tctcgcgtgc tcaaatacat acccgagctg  
420 cagaagcagg tggagaatct ggagaggaag aagaaggagc tgacgacgac gacaccacc  
459 aactgccaac caagagtgtt ggggagccag ctgatgagc

<210> 50

<211> 732

5 <212> DNA

<213> *Vigna unguiculata*

<400> 50

60 atggtcgcac tgttctctcc tcctctcttc tcaaccaaag ggtggtcttt agaggaggag  
120 ccattcggct ataataatac ccataatctc tcctacaaag atgatgcgtc ttctcagtac  
180 tcctttccct atcaatttta ttcaccacag acacagattg aggttgaaat tgaaaggctc  
240 actgcaccat cctctgacct tgccatggtc aagaaactta gccacaatgc tagcgaacgt  
300 gatcgcgcga agaaggctca caacttggtt tcttcacttc gctcacttct tccaatggca  
360 gatcaaacga aaaaaatgag cattcctgca acagtttcca gagtgttgaa atacatacct  
10 420 gaactacaac agcaagtgca agcactaaca aagagaaaag aggagcttct gtgcagaatt  
480 tctcggcaat tgcaaggaga agcagtgaac aaagaatctc agagaaaaat ttcccatcac  
540 aactcttctt ttgttgtctc aacgactagg cttaacgatt gtgaagctgt agttcacatt  
600 tcctctcatg agacacacaa ggctccacta tcagagattc tgcagtgttt agaaaatgat  
660 ggcttttttc tgctacatgc ttcttctca gaaacctttg gaggaagggt cttctacaat  
720 ttgcattttc acgtggagaa aactgataga ttagagaccg agattttaac tgagaagctt  
732 ttaccaatat at

ES 2 560 806 T3

<210> 51  
<211> 1563  
<212> DNA  
5 <213> Vitis vinifera

<400> 51

atgtagcat tctccctcc attgtttcca acccttggat ggccttgga ggateccata  
60  
agccatgcac agaactacat atatggagaa acagaaactt cagaatcggt tcttcacttg  
120  
ccctcatctc agccacaagt ggaactcaat tgctccaccc catatgcagc agttagtggt  
180  
aatcccacga tggttaagaa acttaaccac aacgtcagtg tgcgggatcg tcggaagaag  
240  
atcaacagct tgtactcctc tctgcgttca ctacttccat cagctgatca agtgaagaaa  
300  
ttaagcattc cttcgacagt ttcattgtgtg ctaaaataca taccagagct gcaacggcaa  
360  
gtggagagac tgatccaaaa gaaagaagag tttttatcaa agatttctag ggaaggagat  
420  
ctaattcacc tagaaaatca aagaaatggc acacttgga gctctttatc tgctgtttca  
480  
gcaagaaggc ttagtgacag ggaaattgtg gttcagatat ccacatttaa ggtccatgag  
540  
agtccacttt ctgaggtttt gttaaatttg gaggaggatg ggcttcttgt aatcaatgca  
600  
tcactttttg agtccttttg agggagggtc ttctacaact tacatcttca ggttgaagga  
660

10

# ES 2 560 806 T3

720 actcaaggaa tggagtcgac cgcccacttg gagatgacaa gaactctaaa aaacaaacac  
780 atgaatatat tggtgattca tatggacttt cctccttttt ttcttaagat gttcctgatc  
840 tttacaagag tatttaccaa tcatatatca acttcctacc aatgctatgt tggtaaatta  
900 attatcattc tactgctaca tgtaattaag aaagaaaatt ttgaaacttc taaacatcaa  
960 ttggccagcg ccgaaccaat aattgtagca ggtcaagctg ccaaaaaatt ggatgatgag  
1020 cttctcttgg aaaccaagat gaaaactgaa gggatgggag tactggaac accaatattg  
1080 attaaagcaa agaatggtac caaagaaatg gtggagagaa tccttgatct ttaccccatg  
1140 gcaattcatg acatagactc caacaagaag aatatagtgc tattggcggg ggagaatagg  
1200 caccgccatg tgtatgagct cttcctgaag agaaatattg tgaaagatag tgtatttggg  
1260 gcagttgata ataaaggcaa cagtgcattg catctggctg ccatgtttgc agattatcgg  
1320 ccttgggtca ctctgggtgt tgcattgcaa atgcaatggg aagtcaaatg gtatgagtat  
1380 gtgaagaagt ccatgccacc aaatttcttc cgtttccaca acaatgaaaa caagtctaca  
1440 aagcagattt tcaccctgta acacagagat ctgggtgcaaa aggggtgggca atggctaaat  
1500 aacacagcca cctcatgctc gttggtagta aactcattg caacagttgc cttcgccaca  
1560 tcaactgctg taccgggagg caccaaggag gggactgatt catgtcctct caatggtecc  
1563 taa

<210> 52  
<211> 735  
5 <212> DNA  
<213> Vitis vinifera

<220>  
10 <221> característica miscelánea  
<222> (293)..(293)  
<223> n e s a, c, g, o t

<400> 52

# ES 2 560 806 T3

atgtagcat tctccctcc attgtttcca accottggat ggcccttga ggatccata  
60  
agccatgcac agaactacat atatggagaa acagaaactt cagaatcgtt tcttcacttg  
120  
tcctcatctc agccacaagt ggaactcaat tgctccaccc catctgcagc agttagtggt  
180  
aatcccacga tggtaagaa acttaaccac aacgccagtg agcgggatcg tcggaagaag  
240  
atcaacagct tgtactcctc tatgcttca ctacttccat cagctgatca agngaagaaa  
300  
ttaagcattc cttcgacagt ttcacgtgtg ctaaaataca taccagaact gcaacgacaa  
360  
gtggagagat tgattcaaaa gaaagaagag tttttatcaa agattttagt ggaaggagat  
420  
ccaattcacc tagaaaatca aagaaatggc acacttgga gctctttatc tgctgtttca  
480  
gcaagaaggc ttagtgacag ggaaattgtg gttcagatat ccacatttaa tgtccatgag  
540  
agtcctcttt ctgaggtttt gttaaatttg gaggaggatg ggcttcttgt aatcaatgca  
600  
tcctcttttg agtccttttg agggagggtc ttctacaact tacatcttca ggtgaagga  
660  
actcaaggaa tggagtgtga gttgttgagc gagaagctac tttcattgtg tgaaggaga  
720  
gaggcttttc catga  
735

<210> 53

<211> 253

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 53

Met Cys Ala Leu Val Pro Ser Phe Phe Thr Asn Phe Gly Trp Pro Ser  
1 5 10 15

10 Thr Asn Gln Tyr Glu Ser Tyr Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Leu Asn Asn

# ES 2 560 806 T3

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

<210> 54

<211> 251

5 <212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 54

# ES 2 560 806 T3

Met Cys Ala Leu Val Pro Pro Leu Phe Pro Asn Phe Gly Trp Pro Ser  
 1 5 10 15

Thr Gly Glu Tyr Glu Ser Asn Tyr Leu Ala Gly Val Asn Leu Glu Asp  
 20 25 30

Phe Thr Phe Leu Asp Phe Pro Ala Pro Glu Thr Tyr Gly Val Glu His  
 35 40 45

His Gln Glu Ile Gln Glu Met Leu Gly Val Ser Val Pro Ser Glu Gly  
 50 55 60

Asn Gly Val Val Thr Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Asp  
 65 70 75 80

Arg Arg Lys Lys Ile Asn Ser Leu Phe Ser Ser Leu Arg Ser Cys Leu  
 85 90 95

Pro Ala Ser Asp Gln Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Gln Thr Val Ser  
 100 105 110

Arg Ser Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Glu Gln Val Lys Lys Leu  
 115 120 125

Ile Gln Lys Lys Glu Glu Leu Leu Val Arg Val Ser Gly Gln Arg Ala  
 130 135 140

Ile Glu His Tyr Val Glu Pro Gln Pro Lys Ala Val Ala Arg Tyr Val  
 145 150 155 160

Ser Thr Ile Ser Ala Thr Lys Leu Gly Asp Asn Glu Val Leu Val Gln  
 165 170 175

Ile Ser Ser Ser Lys Asn His Asn Phe Ser Ile Ser Asn Val Leu Ser  
 180 185 190

Gly Leu Glu Glu Asp Gly Phe Val Leu Val Asp Val Ser Ser Ser Arg  
 195 200 205

Tyr His Gly Lys Trp Leu Phe Tyr Ser Leu His Leu Gln Met Gly Asn  
 210 215 220

Lys Asp Asn His Lys Leu Lys Cys Glu Glu Leu Ser Gln Arg Ile Leu  
 225 230 235 240

Tyr Leu Tyr Glu Glu Cys Glu Asn Ser Phe Arg  
 245 250

5 <210> 55  
 <211> 255  
 <212> PRT  
 <213> Brassica oleracea

10 <220>  
 <221> característica miscelánea

# ES 2 560 806 T3

<222> (253)..(254)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 55

5

```

Met Cys Ala Leu Val Pro Pro Leu Phe Pro Asp Phe Gly Trp Pro Ser
1          5          10          15

Thr Ala Gly Tyr Glu Ser Tyr Tyr Leu Gly Gly Glu Asn Leu Asn Asn
20          25          30

Asp Met Phe Leu Asp Phe Pro Val Val Glu Thr Tyr Gly Val Leu Ala
35          40          45

His His Gln Asn Ser Leu Gly Val Ser Val Ser Ser Glu Gly Asn Gly
50          55          60

Ile Asp Asn Asn Pro Val Val Lys Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser
65          70          75          80

Glu Arg Asp Arg Arg Lys Lys Ile Asn Ser Leu Phe Ala Ser Leu Arg
85          90          95

Ser Cys Leu Pro Thr Ser Asp Gln Ser Lys Lys Leu Ser Ile Ser Ala
100         105         110

Thr Val Ser Arg Ser Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Glu Gln Val
115        120        125

Lys Lys Leu Leu Gln Lys Lys Glu Glu Leu Leu Val Arg Val Ser Gly
130        135        140

Gln Arg Asp Ile Glu Leu Tyr Val Lys Pro Gln Pro Lys Ala Ile Ala
145        150        155        160

Ser Tyr Val Ser Thr Val Ser Ala Thr Arg Leu Gly Asp Asn Glu Val
165        170        175

Met Val Gln Ile Ser Ser Ser Lys Ile His Asn Phe Ser Ile Ser Lys
180        185        190

Val Leu Thr Gly Leu Glu Glu Asp Gly Phe Val Leu Val Asp Val Ser
195        200        205

Ser Ser Arg Phe Gln Gly Glu Arg Leu Phe Tyr Thr Leu His Leu Gln
210        215        220

Val Glu Asn Met Asp Asp His Tyr Lys Met Asn Cys Glu Glu Leu Ser
225        230        235        240

Glu Arg Met Leu Tyr Leu Tyr Glu Glu Cys Glu Asn Xaa Xaa Arg
245        250        255

```

10 <210> 56  
<211> 145

ES 2 560 806 T3

<212> PRT  
<213> Brassica rapa

<400> 56

5  
Ile Pro Gln Thr Val Ser Arg Ser Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln  
1 5 10 15  
Glu Gln Val Lys Lys Leu Ile Gln Lys Lys Glu Glu Leu Leu Val Arg  
20 25 30  
Val Ser Gly Gln Arg Asp Ile Glu His Tyr Val Glu Pro His Pro Lys  
35 40 45  
Ala Val Ala Arg Tyr Val Ser Thr Ile Ser Ala Thr Lys Leu Gly Asp  
50 55 60  
Asn Glu Val Met Val Gln Ile Ser Ser Ser Lys Asn His Asn Phe Ser  
65 70 75 80  
Ile Ser Asn Val Leu Ser Gly Leu Glu Glu Asp Gly Phe Val Leu Val  
85 90 95  
Asp Val Ser Ser Ser Arg Ser His Gly Glu Arg Leu Phe Tyr Thr Leu  
100 105 110  
His Leu Gln Met Gly Asn Lys Asp Asp Tyr Lys Leu Thr Cys Glu Glu  
115 120 125  
Leu Arg Gln Arg Met Leu Tyr Leu Tyr Glu Glu Cys Gly Asn Ser Phe  
130 135 140  
Arg  
145  
10 <210> 57  
<211> 100  
<212> PRT  
<213> Cicer arietinum  
15 <400> 57

# ES 2 560 806 T3

Ile Pro Thr Pro Ser Gln Ala Thr Ser Ser Asp Leu Ser Met Val Lys  
1 5 10 15

Lys Leu Ile Arg Asn Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Lys Lys Ile Asn  
20 25 30

Thr Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Val Ala Glu Gln Met  
35 40 45

Lys Lys Leu Ser Asn Pro Ala Thr Ile Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile  
50 55 60

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

Ile Leu Leu Lys Leu Ser Pro Glu Val Asp Glu Val Lys Ser Lys Glu  
85 90 95

Ser Glu Arg Lys  
100

- 5 <210> 58
- <211> 167
- <212> PRT
- <213> Hordeum vulgare

- 10 <400> 58

# ES 2 560 806 T3

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

<210> 59

<211> 252

5 <212> PRT

<213> Hordeum vulgare

<400> 59

# ES 2 560 806 T3

Met Gly His Gln Thr Gln Met Phe Asp Asp Pro Phe Ala Ser Ser Met  
 1 5 10 15

Ser Ser Leu Asp Ala Asp Ile Phe Ser Val Ala Gly Gly Leu His Pro  
 20 25 30

Ser Gln Trp Pro Gly Leu Asp His Asp Val Ser Leu Ala Pro Ala Ala  
 35 40 45

Asn Asn Gly Thr Ser Ser Gly Gly Tyr Gly Ser Pro Gly Gly Gly Asp  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser His Arg Lys Ile Ser His Asn Ala Tyr Glu Arg Asp  
 65 70 75 80

Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Asp Leu Arg Ser Leu Leu  
 85 90 95

Pro Asp Ser Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ile Thr Val Ser  
 100 105 110

Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Asp Gly Leu  
 115 120 125

Glu Lys Lys Lys Glu Glu Leu Thr Arg Ala Ser Cys Lys Pro Gly Val  
 130 135 140

Leu Thr Met Lys Glu Asn Thr Val Pro Ile Val Ser Ala Thr Cys Leu  
 145 150 155 160

Asp Glu Arg Glu Ile Met Val Gln Val Ser Leu Val Ser Thr Met Ala  
 165 170 175

Gly Ala Leu Pro Met Ser Lys Arg Ile Lys Val Leu Glu Asn Glu Gly  
 180 185 190

Leu Arg Leu Ile Ser Ser Ser Thr Ser Ala Phe Gln Asn Arg Thr Phe  
 195 200 205

Tyr Ser Leu His Leu Gln Arg Thr Gln Arg Thr Met Ser Lys Glu Cys  
 210 215 220

Pro Ala Phe Cys Glu Glu Leu Glu Asn Ala Leu Thr Gln Lys Ala Gly  
 225 230 235 240

Tyr Val Tyr Ile Thr Ser Arg Leu Tyr Val Ala Glu  
 245 250

- 5 <210> 60
- <211> 246
- <212> PRT
- <213> *Medicago truncatula*

- 10 <400> 60

# ES 2 560 806 T3

Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Met Phe Ser Thr Ile Gly Trp Pro Phe  
 1 5 10 15

Glu Glu Pro Leu Ser His Asn Gln His Gln Asn Ser Phe Tyr Lys Asp  
 20 25 30

Thr Val Asp Gln Leu Phe Asn Phe His Asp Gln Val Glu Ala Glu Ile  
 35 40 45

Asn Ser Thr Asp Pro Ser Gln Ser Thr Ser Ser Asp Leu Ser Met Val  
 50 55 60

Lys Lys Leu Val His Asn Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Lys Lys Ile  
 65 70 75 80

Asn Asn Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Val Ser Asp Gln  
 85 90 95

Met Lys Leu Ser Ile Pro Gly Thr Ile Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile  
 100 105 110

Pro Glu Leu Gln Asn Gln Val Glu Gly Leu Ile Lys Arg Lys Asp Glu  
 115 120 125

Ile Leu Leu Gly Leu Ser Pro Gln Val Glu Glu Phe Ile Leu Ser Lys  
 130 135 140

Glu Ser Gln Arg Lys Lys His Ser Tyr Asn Ser Gly Phe Val Val Ser  
 145 150 155 160

Ser Ser Arg Leu Asn Asp Ser Glu Ile Thr Ile Gln Ile Ser Cys Tyr  
 165 170 175

Thr Val Gln Lys Ile Pro Leu Ser Glu Ile Leu Ile Cys Leu Glu Asn  
 180 185 190

Asp Gly Leu Leu Leu Leu Asn Val Ser Ser Ser Lys Thr Phe Gly Gly  
 195 200 205

Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Phe Gln Val Asp Lys Thr Gln Ile Leu  
 210 215 220

Glu Ser His Ile Leu Asn Glu Lys Leu Leu Ser Ile Met Glu Lys Glu  
 225 230 235 240

Gly Glu Phe Leu Lys Gln  
 245

- 5 <210> 61
- <211> 260
- <212> PRT
- <213> Medicago truncatula

10 <400> 61

ES 2 560 806 T3

Met Val Ala Phe Cys Pro Pro Gln Phe Ser Tyr Ser Asn Met Gly Trp  
 1 5 10 15

Leu Leu Glu Glu Leu Glu Pro Glu Ser Leu Ile Ser His Lys Glu Lys  
 20 25 30

Asn Tyr Ala Ser Leu Glu Tyr Ser Leu Pro Tyr His Gln Phe Ser Ser  
 35 40 45

Pro Lys Glu His Val Glu Ile Glu Arg Pro Pro Ser Pro Lys Leu Met  
 50 55 60

Ala Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Lys Lys  
 65 70 75 80

Ile Asn Ser Leu Ile Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Gly Glu Asp  
 85 90 95

Gln Thr Lys Lys Met Ser Ile Pro Val Thr Ile Ser Arg Val Leu Lys  
 100 105 110

Tyr Ile Pro Asp Leu Gln Lys Gln Val Gln Gly Leu Thr Lys Lys Lys  
 115 120 125

Glu Glu Leu Leu Ser Arg Ile Ser His Arg Gln Glu Tyr Ala Val Asn  
 130 135 140

Lys Glu Ser Gln Arg Lys Lys Ile Pro Asn Tyr Asn Ser Ala Phe Val  
 145 150 155 160

Val Ser Thr Ser Arg Leu Asn Asp Thr Glu Leu Val Ile His Ile Ser  
 165 170 175

Ser Tyr Glu Ala Asn Lys Ile Pro Leu Ser Glu Ile Leu Met Cys Leu  
 180 185 190

Glu Asn Asn Gly Leu Leu Leu Leu Asn Ser Ser Ser Ser Lys Thr Phe  
 195 200 205

Gly Gly Arg Leu Phe Tyr Asn Leu His Phe Gln Val Asp Lys Thr Gln  
 210 215 220

Arg Tyr Glu Cys Asp Asp Leu Ile Gln Lys Leu Ser Ser Ile Tyr Glu  
 225 230 235 240

Lys Gln Gln Asn Asn His Leu Gly Thr Met Asp Gln Thr Ile Asn Ser  
 245 250 255

Gly Leu Ile Tyr  
 260

5 <210> 62  
 <211> 100  
 <212> PRT

ES 2 560 806 T3

<213> *Medicago truncatula*

<400> 62

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

<210> 63

10 <211> 247

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 63

15

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

# ES 2 560 806 T3

Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Glu Asn Leu Glu Arg  
 115 120 125

Lys Lys Lys Glu Leu Thr Thr Thr Ser Thr Thr Asn Cys Lys Pro Gly  
 130 135 140

Val Leu Gly Ser Gln Leu Met Ser Glu Gly Met Ala Pro Ile Val Ser  
 145 150 155 160

Ala Thr Cys Ile Asn Asp Met Glu Ile Met Val Gln Val Ser Leu Leu  
 165 170 175

Ser Asn Val Ala Gly Ser Val Leu Pro Leu Ser Lys Cys Ile Lys Val  
 180 185 190

Leu Glu Asn Glu Gly Leu His Phe Ile Ser Ser Ser Thr Ser Ser Gly  
 195 200 205

Phe Gly Asn Arg Thr Phe Tyr Ser Ile His Leu Gln Arg Ser Glu Gly  
 210 215 220

Thr Ile Asn Glu Glu Cys Pro Ala Phe Cys Glu Arg Leu Glu Lys Val  
 225 230 235 240

Val Arg Asn Lys Ala Lys Leu  
 245

<210> 64

<211> 230

5 <212> PRT

<213> *Panicum virgatum*

<400> 64

Met Glu His Gln Leu Phe Asp Asp Pro Phe Ser Ser Ser Ile Ser Ser  
 1 5 10 15

Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ser Ala Gly Gly Gln Leu Pro Ser Pro Pro  
 20 25 30

Trp Pro Asp Leu Asp Leu Asp Leu Asp Asp Asp Asp Ile His Asp Leu  
 35 40 45

10 Ser Ala Pro Thr Gly Asn Pro Thr Ser Ser Gly Gly Tyr Gly Ser Gly  
 50 55 60

# ES 2 560 806 T3

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

Arg Asp Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser  
85 90 95

Leu Leu Pro Asp Ala Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Thr Thr  
100 105 110

Val Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Asp  
115 120 125

Asn Leu Glu Arg Arg Lys Lys Glu Leu Thr Asn Ala Asn Cys Lys Pro  
130 135 140

Gly Val Leu Asn Thr Ser Gln Ile Val Thr Pro Ile Val Ser Ala Thr  
145 150 155 160

Cys Leu Asn Asp Thr Glu Ile Met Val Gln Val Ser Leu His Ser Asn  
165 170 175

Val Ala Ala Thr Ser Leu Pro Leu Ser Lys Cys Ile Lys Val Met Glu  
180 185 190

Asn Glu Gly Leu His Leu Ile Ser Ser Ser Thr Tyr Ser Thr Phe Asp  
195 200 205

Asn Arg Thr Phe Tyr Ser Leu His Val Gln Arg Ser Gln Arg Thr Met  
210 215 220

Lys Glu Glu Cys Pro Ala  
225 230

<210> 65  
<211> 183  
5 <212> PRT  
<213> Populus

<400> 65

10 Met Val Lys Lys Leu Ser His Asn Ala Asn Glu Arg Asp Arg Arg Lys  
1 5 10 15

# ES 2 560 806 T3

Lys Ile Lys Ser Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Ala Ala  
 20 25 30

Asp Gln Met Lys Lys Leu Ser Val Pro Ala Thr Val Ser Arg Ala Leu  
 35 40 45

Lys Tyr Leu Pro Glu Leu Gln Gln Val Glu Arg Leu Val Gln Arg  
 50 55 60

Lys Glu Glu Leu Leu Ser Lys Leu Ser Lys Gln Gly Gly Ile Ile His  
 65 70 75 80

Gln Glu Asn Gln Arg Asn Asp Thr Val Tyr Ser Ser Leu Ser Ser Val  
 85 90 95

Ser Ala Ser Gln Leu Ser Asp Arg Glu Val Val Val His Ile Ser Thr  
 100 105 110

Tyr Lys Asn His Lys Ser Pro Leu Ser Glu Ile Leu Leu Thr Leu Glu  
 115 120 125

Glu Asp Gly Leu Val Leu Lys Asn Ser Ser Ser Phe Glu Ser Phe Gly  
 130 135 140

Asp Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Leu Gln Val Met Glu Gly Thr Tyr  
 145 150 155 160

Thr Leu Asp Ser Glu Ala Met Arg Ala Lys Leu Val Ser Leu Ser Val  
 165 170 175

Lys Arg Glu Ser Ser Ser Leu  
 180

<210> 66  
 <211> 264  
 5 <212> PRT  
 <213> Populus

<400> 66

Met Leu Glu Glu Leu Ser Pro Ile Ser Leu Phe Ser Thr Phe Gly Trp  
 1 5 10 15

10 Pro Leu Glu Glu Ala Ile Ser His Glu Gln His Tyr Ser Phe Arg Asp  
 20 25 30

# ES 2 560 806 T3

Gly Glu Thr Pro Glu Ser Phe Thr His Phe Pro Pro Ser Gln Pro Asp  
                   35                                  40  45

Val Arg Gln Leu Asp Arg Ser Thr Ser Phe Thr Ala His Ser Gly Ser  
           50                                  55                                  60

Gly Asp Pro Ser Met Ala Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg  
   65                                  70                                  75                                  80

Asp Arg Arg Lys Lys Ile Asn Ser Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu  
                   85                                  90                                  95

Leu Pro Ala Ala Asp Gln Arg Lys Lys Leu Ser Ile Pro Tyr Thr Val  
                   100                                  105                                  110

Ser Arg Val Leu Val Tyr Ile Pro Lys Leu Gln Gln Gln Val Glu Arg  
           115                                  120                                  125

Leu Ile Gln Arg Lys Glu Glu Leu Leu Ser Lys Leu Ser Arg Gln Ala  
   130                                  135                                  140

Asp Asp Leu Thr His Gln Glu Asn Gln Arg Lys Gly Thr Met Tyr Ser  
  145                                  150                                  155                                  160

Ser Leu Ser Ser Val Ser Ala Ser Arg Leu Ser Asp Arg Glu Val Val  
                   165                                  170                                  175

Ile His Ile Ser Thr Asn Lys Leu His Arg Ser Ser Leu Ser Glu Ile  
                   180                                  185                                  190

Leu Val Asn Leu Glu Glu Ala Gly Leu Leu Leu Leu Asn Ser Ser Ser  
           195                                  200                                  205

Phe Glu Ser Phe Gly Gly Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Leu Gln Ala  
   210                                  215                                  220

Met Glu Gly Thr Tyr Thr Val Glu Cys Glu Ala Leu Asn Glu Arg Leu  
  225                                  230                                  235                                  240

Val Ser Leu Cys Glu Lys Arg Glu Ser Leu Phe Pro Leu Asn Ser Ser  
                   245                                  250                                  255

Ser Pro Tyr Ser Asn Cys Val Phe  
                   260

- 5 <210> 67
- <211> 158
- <212> PRT
- <213> Populus

- 10 <400> 67

# ES 2 560 806 T3

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

<210> 68

<211> 257

5 <212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 68

# ES 2 560 806 T3

Met Leu Ala Leu Ser Pro Pro Val Phe Pro Thr Pro Glu Trp Pro Leu  
 1 5 10 15

Glu Asp Pro Leu Gly Ile Asp Gln Ile Ser Tyr Phe Cys Arg Glu Thr  
 20 25 30

Gln Pro Ala Thr Ala Ala Phe Leu Pro Ser Tyr Gln Gln Glu Leu Leu  
 35 40 45

Leu Leu Glu Leu Asp His Gln Gln Ser Thr Ser Phe Thr Ala Tyr Asn  
 50 55 60

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

Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Lys Lys Met Asn Thr Leu Tyr Ser Ser  
 85 90 95

Leu Arg Ser Leu Phe Pro Ala Ala Asp Glu Met Lys Lys Leu Ser Ile  
 100 105 110

Pro Ala Thr Ile Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Glu  
 115 120 125

Gln Leu Glu Arg Leu Val Gln Arg Lys Glu Glu Ile Leu Leu Arg Ile  
 130 135 140

Ser Lys Gln Asn His Ile Val Asn Pro Gln Ile Asn Gln Arg Lys Gly  
 145 150 155 160

Thr Ser His Ser Ser Leu Ser Val Val Ser Ala Asn Gln Ile Ser Asp  
 165 170 175

Lys Glu Ala Ile Ile Gln Ile Ser Thr Tyr Ser Asn Thr Ile His Thr  
 180 185 190

Ser Pro Leu Ser Glu Ile Leu Leu Leu Leu Glu Glu Glu Gly Leu Leu  
 195 200 205

Leu Ile Asn Ser Ser Ser Ala Glu Ser Phe Gly Gly Arg Val Phe Asn  
 210 215 220

Asn Leu His Val Gln Val Asp Asp Thr Tyr Thr Leu Glu Cys Asp Ala  
 225 230 235 240

Leu Ser Glu Lys Leu Ala Ser Leu Tyr Ala Lys Arg Asp Gly Leu Phe  
 245 250 255

Pro

- 5 <210> 69
- <211> 184
- <212> PRT
- <213> Ricinus communis

ES 2 560 806 T3

<400> 69

Met Val Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Lys  
1 5 10 15

Lys Met Asn Thr Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Ala Ser  
20 25 30

Asp Gln Met Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ala Thr Ile Ser Arg Val Leu  
35 40 45

Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Gln Gln Leu Glu Arg Phe Val Gln Arg  
50 55 60

Lys Glu Glu Leu Leu Leu Arg Ile Ser Lys Gln Asn His Ile Ile Asn  
65 70 75 80

Pro Gln Ile Asn Gln Arg Lys Gly Thr Thr His Ser Thr Leu Ser Val  
85 90 95

Val Ser Ala Asn Gln Ile Ser Asp Lys Glu Val Val Ile Gln Val Ser  
100 105 110

Thr Tyr Asn Asn Thr Ile His Thr Ser Pro Leu Ser Glu Ile Leu Leu  
115 120 125

Leu Leu Glu Glu Glu Gly Leu Leu Leu Ile Asn Ser Ser Ser Phe Glu  
130 135 140

5 Ser Phe Gly Gly Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Leu Gln Val Asp Gly  
145 150 155 160

Thr Tyr Ile Leu Glu Cys Asp Ala Leu Ser Glu Lys Leu Ala Ala Leu  
165 170 175

Tyr Glu Arg Asp Gly Leu Phe Pro  
180

<210> 70

<211> 239

10 <212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 70

# ES 2 560 806 T3

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

5 <210> 71  
 <211> 214  
 <212> PRT  
 <213> Sorghum bicolor

10 <400> 71

# ES 2 560 806 T3

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

5 <210> 72  
 <211> 224  
 <212> PRT  
 <213> Triticum aestivum

10 <400> 72



<220>  
 <221> característica miscelánea  
 <222> (72)..(72)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural  
 5  
 <220>  
 <221> característica miscelánea  
 <222> (82)..(82)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural  
 10  
 <220>  
 <221> característica miscelánea  
 <222> (101)..(101)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural  
 15  
 <220>  
 <221> característica miscelánea  
 <222> (114)..(114)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural  
 20  
 <220>  
 <221> característica miscelánea  
 <222> (127)..(127)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural  
 25  
 <400> 73  
  
 Gly Asp Gly Ser Gly Ser His Arg Lys Ile Ser His Asn Ala Tyr Glu  
 1 5 10 15  
  
 Arg Asp Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Asp Leu Arg Ser  
 20 25 30  
  
 Leu Leu Pro Asp Thr Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ile Thr  
 35 40 45  
  
 Val Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Trp Ala  
 50 55 60  
  
 Xaa Arg Xaa Lys Glu Gly Gly Xaa Asp Ala Arg Gln Leu Gln Pro Gly  
 65 70 75 80  
  
 Val Xaa Thr Met Lys Gly Asn Thr Val Arg Leu Phe Arg His Leu Pro  
 85 90 95  
  
 Arg Arg Gln Gly Xaa Tyr Gly Pro Ser Gln Pro Gly Glu His Met Ala  
 100 105 110  
  
 Gly Xaa Cys Pro Phe Gln Met His Gln Ser Ala Gly Lys Gln Xaa Leu  
 115 120 125  
  
 Arg Ser  
 130  
 30 <210> 74  
 <211> 153  
 <212> PRT  
 <213> Triticum aestivum

# ES 2 560 806 T3

<400> 74

Met Glu Gln Leu Phe Val Asp Asp Pro Ala Phe Ala Ser Ser Met Ser  
 1 5 10 15

Ser Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ser Gly Ala Gly Gln Leu Pro Ser Ser  
 20 25 30

Pro Trp Leu Asp Leu Asp Leu Asp Asp Val Gln Asp Leu Ser Met  
 35 40 45

Ala Pro Thr Thr Ala Asn Ala Val Ser Ser Gly Tyr Gly Ser Gly Gly  
 50 55 60

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

Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ala Leu Leu Pro  
 85 90 95

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

Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Glu Asn Leu Glu  
 115 120 125

Arg Lys Lys Lys Glu Leu Thr Thr Thr Ser Thr Thr Asn Cys Gln Pro  
 130 135 140

Arg Val Leu Gly Ser Gln Leu Met Ser  
 145 150

- 5 <210> 75
- <211> 244
- <212> PRT
- <213> *Vigna unguiculata*

10 <400> 75

Met Val Ala Leu Phe Ser Pro Pro Leu Phe Ser Thr Lys Gly Trp Leu  
 1 5 10 15

Leu Glu Glu Glu Pro Phe Gly Tyr Asn Asn Thr His Asn Leu Ser Tyr



# ES 2 560 806 T3

Met Leu Ala Phe Ser Pro Pro Leu Phe Ser Thr Phe Gly Trp Pro Trp  
 1 5 10 15

Glu Asp Pro Xaa Ser His Glu Gln Asn Tyr Ile Tyr Gln Glu Thr Glu  
 20 25 30

Ala Ser Glu Ser Phe Leu His Leu Pro Ser Ser Glu Pro Gln Ala Glu  
 35 40 45

Leu Asn Tyr Ser Thr Pro Ser Ala Ala Val Ser Gly Asn Pro Thr Met  
 50 55 60

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

Ile Asn Ser Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Ala Ala Asp  
 85 90 95

Gln Ala Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ser Thr Val Ser Arg Val Leu Lys  
 100 105 110

Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Glu Arg Leu Ile Gln Lys Lys  
 115 120 125

Glu Glu Leu Leu Ser Lys Ile Ser Arg Gln Gly Asp Ile Ile His Gln  
 130 135 140

Glu Lys Gln Arg Lys Ala Thr Leu Ala Ser Ser Leu Ser Ala Val Ser  
 145 150 155 160

Ala Asn Arg Leu Ser Asp Arg Glu Ile Val Val Gln Ile Ser Thr Phe  
 165 170 175

Lys Val His Glu Ser Pro Leu Ser Glu Val Leu Leu Asn Leu Glu Glu  
 180 185 190

Asp Gly Leu Leu Val Ile Asn Ala Ser Ser Phe Glu Ser Phe Gly Gly  
 195 200 205

Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Leu Gln Val Glu Gly Thr His Arg Met  
 210 215 220

Glu Cys Glu Val Leu Ser Glu Lys Leu Leu Ser Leu Cys Glu Lys Arg  
 225 230 235 240

Arg Asp Ala Phe Pro  
 245

- 5 <210> 77
- <211> 520
- <212> PRT
- <213> *Vitis vinifera*

10 <400> 77

# ES 2 560 806 T3

Met Leu Ala Phe Ser Pro Pro Leu Phe Pro Thr Leu Gly Trp Pro Leu  
 1 5 10 15

Glu Asp Pro Ile Ser His Ala Gln Asn Tyr Ile Tyr Gly Glu Thr Glu  
 20 25 30

Thr Ser Glu Ser Phe Leu His Leu Pro Ser Ser Gln Pro Gln Val Glu  
 35 40 45

Leu Asn Cys Ser Thr Pro Tyr Ala Ala Val Ser Gly Asn Pro Thr Met  
 50 55 60

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

Ile Asn Ser Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu Leu Pro Ser Ala Asp  
 85 90 95

Gln Val Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ser Thr Val Ser Cys Val Leu Lys  
 100 105 110

# ES 2 560 806 T3

Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Arg Gln Val Glu Arg Leu Ile Gln Lys Lys  
 115 120 125

Glu Glu Phe Leu Ser Lys Ile Ser Arg Glu Gly Asp Leu Ile His Leu  
 130 135 140

Glu Asn Gln Arg Asn Gly Thr Leu Gly Ser Ser Leu Ser Ala Val Ser  
 145 150 155 160

Ala Arg Arg Leu Ser Asp Arg Glu Ile Val Val Gln Ile Ser Thr Phe  
 165 170 175

Lys Val His Glu Ser Pro Leu Ser Glu Val Leu Leu Asn Leu Glu Glu  
 180 185 190

Asp Gly Leu Leu Val Ile Asn Ala Ser Ser Phe Glu Ser Phe Gly Gly  
 195 200 205

Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Leu Gln Val Glu Gly Thr Gln Gly Met  
 210 215 220

Glu Ser Thr Ala His Leu Glu Met Thr Arg Thr Leu Lys Asn Lys His  
 225 230 235 240

Met Asn Ile Leu Val Ile His Met Asp Phe Pro Pro Phe Phe Leu Lys  
 245 250 255

Met Phe Leu Ile Phe Thr Arg Val Phe Thr Asn His Ile Ser Thr Ser  
 260 265 270

Tyr Gln Cys Tyr Val Gly Lys Leu Ile Ile Ile Leu Leu Leu His Val  
 275 280 285

Ile Lys Lys Glu Asn Phe Glu Thr Ser Lys His Gln Leu Ala Ser Ala  
 290 295 300

Glu Pro Ile Ile Val Ala Gly Gln Ala Ala Lys Lys Leu Asp Asp Glu  
 305 310 315 320

Leu Leu Leu Glu Thr Lys Met Lys Thr Glu Gly Met Gly Val Leu Glu  
 325 330 335

Thr Pro Ile Leu Ile Lys Ala Lys Asn Gly Thr Lys Glu Met Val Glu

# ES 2 560 806 T3

340	345	350
Arg Ile Leu Asp Leu Tyr Pro Met Ala Ile His Asp Ile Asp Ser Asn 355                                  360                                  365		
Lys Lys Asn Ile Val Leu Leu Ala Val Glu Asn Arg His Pro His Val 370                                  375                                  380		
Tyr Glu Leu Phe Leu Lys Arg Asn Ile Val Lys Asp Ser Val Phe Gly 385                                  390                                  395                                  400		
Ala Val Asp Asn Lys Gly Asn Ser Ala Leu His Leu Ala Ala Met Phe 405                                  410                                  415		
Ala Asp Tyr Arg Pro Trp Val Thr Pro Gly Val Ala Leu Gln Met Gln 420                                  425                                  430		
Trp Glu Val Lys Trp Tyr Glu Tyr Val Lys Lys Ser Met Pro Pro Asn 435                                  440                                  445		
Phe Phe Arg Phe His Asn Asn Glu Asn Lys Ser Thr Lys Gln Ile Phe 450                                  455                                  460		
Thr Arg Glu His Arg Asp Leu Val Gln Lys Gly Gly Gln Trp Leu Asn 465                                  470                                  475                                  480		
Asn Thr Ala Thr Ser Cys Ser Leu Val Val Thr Leu Ile Ala Thr Val 485                                  490                                  495		
Ala Phe Ala Thr Ser Thr Ala Val Pro Gly Gly Thr Lys Glu Gly Thr 500                                  505                                  510		
Asp Ser Cys Pro Leu Asn Gly Pro 515                                  520		

<210> 78  
 <211> 244  
 5 <212> PRT  
 <213> Vitis vinifera

<220>  
 <221> característica miscelánea  
 10 <222> (98)..(98)  
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 78

# ES 2 560 806 T3

Met Leu Ala Phe Ser Pro Pro Leu Phe Pro Thr Leu Gly Trp Pro Leu  
 1 5 10 15

Glu Asp Pro Ile Ser His Ala Gln Asn Tyr Ile Tyr Gly Glu Thr Glu  
 20 25 30

Thr Ser Glu Ser Phe Leu His Leu Ser Ser Ser Gln Pro Gln Val Glu  
 35 40 45

Leu Asn Cys Ser Thr Pro Ser Ala Ala Val Ser Gly Asn Pro Thr Met  
 50 55 60

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

Ile Asn Ser Leu Tyr Ser Ser Met Arg Ser Leu Leu Pro Ser Ala Asp  
 85 90 95

Gln Xaa Lys Lys Leu Ser Ile Pro Ser Thr Val Ser Arg Val Leu Lys  
 100 105 110

Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Arg Gln Val Glu Arg Leu Ile Gln Lys Lys  
 115 120 125

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

Glu Asn Gln Arg Asn Gly Thr Leu Gly Ser Ser Leu Ser Ala Val Ser  
 145 150 155 160

Ala Arg Arg Leu Ser Asp Arg Glu Ile Val Val Gln Ile Ser Thr Phe  
 165 170 175

Asn Val His Glu Ser Pro Leu Ser Glu Val Leu Leu Asn Leu Glu Glu  
 180 185 190

Asp Gly Leu Leu Val Ile Asn Ala Ser Ser Phe Glu Ser Phe Gly Gly  
 195 200 205

Arg Val Phe Tyr Asn Leu His Leu Gln Val Glu Gly Thr Gln Gly Met  
 210 215 220

Glu Cys Glu Leu Leu Ser Glu Lys Leu Leu Ser Leu Cys Glu Arg Arg  
 225 230 235 240

Glu Ala Phe Pro

- 5 <210> 79
- <211> 723
- <212> DNA
- <213> Arabidopsis thaliana

- 10 <400> 79

# ES 2 560 806 T3

60 atggagtatc catggctgca gtctcaagtt cattcctttt cacctactct ccattttcct  
120 tccttccttc atcctttaga tgattccaag agccataaca tcaatcttca tcatatgagt  
180 cttagtcaca gcaataatac taacagtaac aataacaatt atcaagaaga agatcgagga  
240 gcggtggttt tggagaagaa actgaatcac aacgcaagcg aacgagaccg ccgtagaaaa  
300 cttaacgcct tgtactcttc acttcgtgct ctcttgccctc tttctgatca aaagaggaag  
360 ctgagcattc ctatgacggt agcgagagta gtgaaataca taccagagca gaagcaagaa  
420 cttcaacgtt tgtctcgag aaaagaagag ctcttgaaga ggatctcgag aaaaactcac  
480 caagagcagc tgagaaacaa agcaatgatg gactcaatag attcttcttc ctctcaacgg  
540 atcgagcaa attggctcac tgacacagag attgctgtcc agattgctac gtcgaaatgg  
600 acatctgttt cagacatggt gcttaggta gaagaaaacg ggcttaatgt cataagcgtc  
660 tcttcttccg tttcttcac cgcaaggatc ttctacactc tacatcttca gatgagagga  
720 gattgcaaag tgagactgga ggaactcatc aatggtatgc tcttgggatt acgccaatca  
723 taa

<210> 80

<211> 546

5 <212> DNA

<213> Brassica oleracea

<400> 80

# ES 2 560 806 T3

60 atgtgtgcct taacaccaat gtttccaagt aaccaacaag aatggtactc tacttcaaca  
120 atggagtatc catggcttga ttctttctct cctactctcc cttctttctct ttatccttct  
180 ttcgaccaac tagatgaatt caagagctat aacatcaatc ttcttcctca tcatatgaat  
240 cttgctgaca taaatggtac taacaatgat caagaagaac atcaaggatc ggttttggaa  
300 aagaaactga atcacaacgc aagtgaacgc gaccgccgta gaaagctaaa cgccttatac  
360 gcttcacttc gtgctctctt gcctccttct gatcaaaaaga gaaagttgag cattocaaag  
420 accatagcgg gagtggtgaa gtatatacca gagcagaagc aagaacttca acgtttgtct  
480 aggaggaaag aagagcttat gaagagaatc tccaataaga cagagacttt gaatcatcaa  
540 caagaacagc tgagaaatag agcattaatg atggagtcaa tagattcttc ttcacaaaag  
546 atcgct

<210> 81  
<211> 678  
5 <212> DNA  
<213> Brassica rapa

<400> 81

60 atggagtatc catggcttga ttctttctct cctactctcc cttctttctct ttatccttct  
120 ttcgaccaac tagatgaatt caagaactat aacatcaatc ttcttcctca tcatatgaat  
180 cttgccgaca taaatggtac taacaatacc agtaacaatg atcaagaaga acatcaagga  
240 tcggttttgg aaaagaaact gaatcacaac gcaagtgaac gcgaccgccg tagaaagcta  
10 300 aacgccttat acgcttcaact tcgtgctctc ttgcctcctt ctgatcaaaa gtcggcgaat

# ES 2 560 806 T3

360 cagagaaagt tgagcattcc aaagaccgta gcgggagtgg tgaagtatat accagagcag  
420 aagcaagaac ttcaacgttt gtataggagg aaagaagagc ttatgaagag gatctccaat  
480 aagatagaga ctttgaatca tcaacaagaa cagctgagaa atagagcatt aatgatggag  
540 tcaatagatt cttcttcaca aaagatcgct gcaaattgga tcaccaacac agaaatagct  
600 gtccagattg ctacatggaa atggacatct atctcagaca tgttgcttag gttagaagaa  
660 aacgggctta atgtcataag cgtctcttct tcggtttctt ccaccgcaag gatcttctac  
678 aactgcatc ttcagatg

<210> 82  
<211> 261  
5 <212> DNA  
<213> *Oryza sativa*

<400> 82

60 gctttctctt tcagctcgat cgatccacag ctcaacgagc tctactcctc cctccgcgct  
120 ctctccccg acgccgatca cactaagaag ctgagcatcc cgacgacggt gtctcgcgtg  
180 ctcaagtaca taccgagct gcagaagcag gtggagaatc tggagaggaa gaagaaggag  
240 ctgacgacga cgagcaccac caactgcaaa ccaggagtgt tggggagcca gctgatgagc  
10 261 gagggcatgg ctcccatcgt t

<210> 83  
<211> 450  
15 <212> DNA  
<213> *Oryza sativa*

<400> 83

60 atggagcagc tgttcgtcga cgaccagcc ttcgcgagca gcatgtcgtc gcttgaggcg  
120 gacatcttct ccggcgccgg ccagctgccc tcctcgccgt ggctggacct agacctcgac  
20

ES 2 560 806 T3

180 gacgatgtcc aagacctctc catggcgccg acgacggcga acgcggtgtc ctccggctac  
 240 ggcttcggcg gatccggctc ccacaggaag ctcagccaca acgcctacga gcgcgaccgc  
 300 cggaagcagc tcaacgagct ctactcctcc ctccggctc tcttccccga cgccgatcac  
 360 actaagaaac tgagcatttc gacgaacgtg tcttgcgtgg ttcagtacat aaccgaacct  
 420 gcagaaacaa gtggagaata tggagaagaa aaaaaagagc tgacgacgac gagcaccacc  
 450 aactgtcaac cccaagatgt gggtagaagc

<210> 84

<211> 240

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 84

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

10

# ES 2 560 806 T3

Glu Glu Leu Leu Lys Arg Ile Ser Arg Lys Thr His Gln Glu Gln Leu  
 130 135 140

Arg Asn Lys Ala Met Met Asp Ser Ile Asp Ser Ser Ser Ser Gln Arg  
 145 150 155 160

Ile Ala Ala Asn Trp Leu Thr Asp Thr Glu Ile Ala Val Gln Ile Ala  
 165 170 175

Thr Ser Lys Trp Thr Ser Val Ser Asp Met Leu Leu Arg Leu Glu Glu  
 180 185 190

Asn Gly Leu Asn Val Ile Ser Val Ser Ser Ser Val Ser Ser Thr Ala  
 195 200 205

Arg Ile Phe Tyr Thr Leu His Leu Gln Met Arg Gly Asp Cys Lys Val  
 210 215 220

Arg Leu Glu Glu Leu Ile Asn Gly Met Leu Leu Gly Leu Arg Gln Ser  
 225 230 235 240

<210> 85

<211> 182

5 <212> PRT

<213> Brassica oleracea

<400> 85

Met Cys Ala Leu Thr Pro Met Phe Pro Ser Asn Gln Gln Glu Trp Tyr  
 1 5 10 15

Ser Thr Ser Thr Met Glu Tyr Pro Trp Leu Asp Ser Phe Ser Pro Thr  
 20 25 30

Leu Pro Ser Ser Leu Tyr Pro Ser Phe Asp Gln Leu Asp Glu Phe Lys  
 35 40 45

Ser Tyr Asn Ile Asn Leu Leu Pro His His Met Asn Leu Ala Asp Ile  
 50 55 60

Asn Gly Thr Asn Asn Asp Gln Glu Glu His Gln Gly Ser Val Leu Glu  
 65 70 75 80

10 Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Arg Lys Leu



ES 2 560 806 T3

Lys Ser Ala Asn Gln Arg Lys Leu Ser Ile Pro Lys Thr Val Ala Gly  
 100 105 110

Val Val Lys Tyr Ile Pro Glu Gln Lys Gln Glu Leu Gln Arg Leu Tyr  
 115 120 125

Arg Arg Lys Glu Glu Leu Met Lys Arg Ile Ser Asn Lys Ile Glu Thr  
 130 135 140

Leu Asn His Gln Gln Glu Gln Leu Arg Asn Arg Ala Leu Met Met Glu  
 145 150 155 160

Ser Ile Asp Ser Ser Ser Gln Lys Ile Ala Ala Asn Trp Ile Thr Asn  
 165 170 175

Thr Glu Ile Ala Val Gln Ile Ala Thr Trp Lys Trp Thr Ser Ile Ser  
 180 185 190

Asp Met Leu Leu Arg Leu Glu Glu Asn Gly Leu Asn Val Ile Ser Val  
 195 200 205

Ser Ser Ser Val Ser Ser Thr Ala Arg Ile Phe Tyr Thr Leu His Leu  
 210 215 220

Gln Met  
 225

<210> 87  
 <211> 87  
 5 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<400> 87

Ala Phe Ser Phe Ser Ser Ile Asp Pro Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser  
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Ala Leu Leu Pro Asp Ala Asp His Thr Lys Lys Leu Ser  
 20 25 30

Ile Pro Thr Thr Val Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln  
 35 40 45

10 Lys Gln Val Glu Asn Leu Glu Arg Lys Lys Lys Glu Leu Thr Thr Thr  
 50 55 60

Ser Thr Thr Asn Cys Lys Pro Gly Val Leu Gly Ser Gln Leu Met Ser  
 65 70 75 80

Glu Gly Met Ala Pro Ile Val  
 85

15 <210> 88  
 <211> 150  
 <212> PRT

# ES 2 560 806 T3

<213> *Oryza sativa*

<400> 88

Met Glu Gln Leu Phe Val Asp Asp Pro Ala Phe Ala Ser Ser Met Ser  
1 5 10 15

Ser Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ser Gly Ala Gly Gln Leu Pro Ser Ser  
20 25 30

Pro Trp Leu Asp Leu Asp Leu Asp Asp Asp Val Gln Asp Leu Ser Met  
35 40 45

Ala Pro Thr Thr Ala Asn Ala Val Ser Ser Gly Tyr Gly Phe Gly Gly  
50 55 60

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

Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ala Leu Leu Pro  
85 90 95

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

Val Val Gln Tyr Ile Thr Glu Pro Ala Glu Thr Ser Gly Glu Tyr Gly  
115 120 125

Glu Glu Lys Lys Glu Leu Thr Thr Thr Ser Thr Thr Asn Cys Gln Pro  
130 135 140

5 Gln Asp Val Gly Arg Ser  
145 150

<210> 89

<211> 726

<212> DNA

10 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 89

# ES 2 560 806 T3

60 atgtgtgcac ttgtccctcc attatatccc aatttcggct ggccttgccg agatcatagc  
120 ttctatgaaa ccgacgacgt atccaacacg tttcttgatt ttccgttgcc ggacttgacg  
180 gtgactcatg agaatgtgtc gtctgagaat aacagaacat tactagacaa tcccgtggtg  
240 atgaagaagc ttaatcacia cgcgagtgaa cgtgagcgtc gcaagaagat caacacaatg  
300 ttctcatctc ttcgttcttg tcttctccc accaatcaaa cgaagttaag tgtttcggca  
360 acagtttcac aagcattgaa gtacatacca gagctgcaag agcaagttaa aaagctcatg  
420 aagaagaaag aagagctctc gtttcaaatt tcgggtcaaa gagatctcgt ttacaccgac  
480 caaaacagta agtcagagga aggggttaca agctatgcgt cgacagtctc ttcgactagc  
540 ctcaagtgaga ctgaagtgat ggtccaaatt tcatcgttac agactgaaaa atgttcgttt  
600 gggaaatgtct tgagtgggtg agaagaagat gggttggttc ttgtgggtgc ttcactttca  
660 aggtctcatg gagagcgact ctttactct atgcatcttc agataaaaaa tggccaggtg  
720 aattccgaag aattaggtga tagattgttg tacttgtacg agaaatgtgg aactcgttt  
726 acatga

<210> 90

<211> 729

5 <212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 90

10 60 atgtgtgcac ttgtccctcc attatatccc aatttcggct ggccttgccg agatcatagc

# ES 2 560 806 T3

120 ttctatgaaa cgcgacgacgt atccaacacg tttcttgatt ttccggtgcc ggaattgacg  
180 gtgactcatg agaatgtgtc gtctgagaat aacagaacat tactagacaa tcccgtgggtg  
240 atgaagaagc ttaatcaciaa cgcgagtga cgtgagcgtc gcaagaagat caacacaatg  
300 ttctcatctc ttcgttcttg tcttctccc accaatcaaa cgaagaagtt aagtgtttcg  
360 gcaacagttt cacaagcatt gaagtacata ccagagctgc aagagcaagt taaaagctc  
420 atgaagaaga aagaagagct ctcgtttcaa atttcgggtc aaagagatct cgtttacacc  
480 gacaaaaaca gtaagtcaga ggaaggggtt acaagctatg cgtcgacagt ttcttcgact  
540 aggctcagtg agactgaagt gatggtccaa atttcatcgt tacagactga aaaatgttcg  
600 tttgggaatg tcttgagtgg tgtagaagaa gatgggttgg ttcttgtggg tgcttcatct  
660 tcaaggtctc atggagagcg actcttttac tctatgcac ttcagataaa aaatggccag  
720 gtgaattccg aagaattagg tgatagattg ttgtacttgt acgagaaatg tggacactcg  
729 tttacatga

<210> 91  
<211> 621  
5 <212> DNA  
<213> *Oryza sativa*

<400> 91

60 ccacgtcgtc tgcgcggccg actccttcta cgtcggcctc ccgatcccgg tgggtgccgc  
120 cggcgaggag ctgatggcgg ggcgaacctc atccacaacg cctacgagcg cgaccgccgg  
180 aagcagcgca acgagctcta ctctccctc cgcgctctcc tccccgacgc cgatcacact  
240 aagaagctga gcatcccagc gacggtgtct cgcgtgctca agtacatacc cgagctgcag  
10 300 aagcaggtgg agaatctgga gaggaagaag aaggagctga cgacgacgag caccaccaac

# ES 2 560 806 T3

360 tgcaaaccag gagtgttggg gagccagctg atgagcgagg gcatggctcc catcgtttcg  
420 gctacctgca tcaatgacat ggagatcatg gttcaggtca gcttgttgag caatgtggcg  
480 ggttcagttc ttctctctc caagtgtatc aaagtactgg agaacgaagg tcttcacttc  
540 atcagttcat cgacttcctc cggatttggg aacaggacat tctacagtat ccatcttcag  
600 agaagtgaag gaacgatcaa cgaggagtgc ccagcatttt gtgaaaggtt ggagaaagtc  
621 gtcaggaaca aagcaaagct t

<210> 92

<211> 711

5 <212> DNA

<213> *Panicum virgatum*

<400> 92

60 atggagcacc agctgttcga tgacccttc tctagcagca tctcgtcgct ggaggcggac  
120 atcttctccg cggcgggcca gctgcccgtcg ccgccgtggc cggacctoga cctcgacctc  
180 gacgacgacg acggcatcca cgacctctcc gcgccggccg gcaacccac ctcttcagga  
240 ggctatggct cggcgggagg ctcccacagg aagatcagcc acaacgcgta cgagcgtgac  
300 cgccggaagc agctcaacga gctctactcc tcgctccgct cctcctccc cgacgctgac  
360 cacactaaga agctgagcat ccccaccacg gtctcccagag ttctcaagta catccccgag  
420 ctgcagaagc aggtggacaa cctggagagg aggaagaagg agctgacgaa cgccaactgc  
480 aaaccaggag ttctgaacac gagccagatt gtaactcca ttgtttctgc tacttgcttc  
540 aacgatacgg agatcatggt tcaggtcagc ctgcacagca acgtggctgc cacaagtctt  
600 cctctgtcca agtgataaa agtgatggag aacgaaggcc ttcacctaata tagttcatca  
660 acttactcca ccttcgacaa caggacattc tatagcctcc atgttcagag aagtcaaaga  
711 acgatgaagg aggagtgcc agcattctgc gatgaactgg agaggattat c

<210> 93

15 <211> 732

<212> DNA

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 93

20

# ES 2 560 806 T3

60 atggaccatc agctgttcga cgaccccttc gggagcagca tctcgtcgtt ggaggcggac  
120 atctttctccg ccggcggcgg cggacagctg ccgtcgccgc cgtggccgga cctcgacctc  
180 gacgacgact acgacataca cgacctctcc gcgcggccg ccaacgccgc cacctcctcg  
240 ggcggcggct atggctccgg cggctccggc aggaagctca gccacaacgc atacgagcgc  
300 gaccgccgga agcagctcaa cgagctctac tctcgtctcc gatccctcct cccggacgct  
360 gatcacacta agaagctgag catccccacc accgtgtccc gagtttctaa gtacatcccc  
420 gagctgcaga agcaggtgga taacctggag aggaggaaga aggagctgac caacgccaac  
480 tgcaagccgg gagtttctaa caccaaagag atcgtaactc ccattgtttc tgctacttgc  
540 cttaacgaca cggagatcat ggttcaggtc agcctgcaca gcaatgtggc cgccacagct  
600 ctccctctct ccaagtgcac aaaggtgcta gaaaacgaag gccttctcct cgtcagctca  
660 tcaacctact ccaccttoga gaacaagaca ttctatagcc tccatcttca gagaagtcaa  
720 agaacgatga aggagcagtg cccaggattc tgcgacgaac tggagaagat cgtcaggaag  
732 aaagcagggg cg

<210> 94

<211> 417

5 <212> DNA

<213> *Triticum aestivum*

<400> 94

60 gcctcgtgcc ggcgggtgct caagtacatc ccggagctgc agaagcaggt ggacggactg  
120 gagaagaaga aggaggagct gacgcgcgcc aactgcaagc ccggcgtgct gaccatgaag  
180 gagaacatgg ctccgatcgt gtccgccacc tgccctgatg acagagaaat catggtccag  
240 gtcagcctgg tgagcaccat ggccggagtt ctgccatgt ccaagtgcac caaggtgctg  
300 gagaacgaag gcctacgcct catcagctcg tccacttccg cgtttcacia caggacgttc  
360 tatagcctcc atcttcagag aaccaacgg acgatgagca aggagtgtcc ggcattttgt  
10 417 gaagaactgg agaacgccct gacgcaaaag gcaggactac gtctacatca ccaccag

<210> 95

<211> 705

# ES 2 560 806 T3

<212> DNA  
<213> Triticum aestivum

<400> 95

5  
60 atggatcacc agctgtacgg cgaccctcc gcgagcagct tctctccgct ggaggcacag  
120 atcttctccg gccagctgcc gccgtcgtca acgccaatggc caaatctoga cgttgacctc  
180 gccctggacc tcgacgttct cgaggatgac atcgtccggg agctctctgc tggcacagtg  
240 gcaaacgcgg catcgtcagg ttccggctcc ggcgccaca agaagctcag ccacaacgcg  
300 tacgagcgcg accgccgaa gcagctcaac gagctatacc tctcgtccg ttctctcctc  
360 ccggacgccg accacaccaa gaagctgagt attccgacga cgggtgtgtcg agcgtcaag  
420 tacatccccg agctgcagaa acaggtcgag aatctggaga agaagaaaga gaaactggct  
480 agtgccaact gcaaaccagg ggtactgagc gtgaccggca gcatagctcc aactgtgtcc  
540 gctaactgcc tcaaccacaa ggaaatcatg gttcagatta gcttgctgag agatacagat  
600 gcttctacag ctctacctct ttccaagtgt ataaatgtac tggagaacga aggacttcag  
660 ctcatcagtt catcgacttc ctccaccttt ggaacaaaa cgttctataa cctccatctt  
705 cagagaagtc aaggagccac taaacatgga gtgccatcg ttttg

10 <210> 96  
<211> 691  
<212> DNA  
<213> Triticum aestivum

15 <400> 96

# ES 2 560 806 T3

60 cgcagatctt ctccagecag ctgccgcggt caccgcccgtg gccgaatctc gatggttgac  
120 ttgacctgga cctcgacggt cttgaggacg acgtcgtccg cgaactctca gggaggccgg  
180 caaacgcggc atcgtcaggc tccggtccg gcggccccgg ctcccacaag aagctcagtc  
240 acaacgcgta cgagcgcgac cgccggaagc agctcaacga gctctacctc tcaactccgtt  
300 ctctcctgcc ggacgccgac cacactaaga agctgagtat tccgacgatg gtgtgtcgag  
360 cgctcaagta catcccgagc tgcagaaaca ggtcagagaat ctggagaaga agaaagagaa  
420 acttgctagt tccaactgca aaccagaggt actgagcgca agcggcagca tagctctaac  
480 tgtgtccgct acttgccctca acgacaagga aatcatgggt cagattagct tgctgagaca  
540 tacggatgct gctacagctc tacctctttc caagtgtata aatgtactgg agaacgaagg  
600 acttgagctc gtcagttcat cgacttctg cacctttggg aacaaaatgt tctataacct  
660 ccatcttcag agaagtcaag gagcgcctaac atgggagtgt ccatccttct gtgacaaatt  
691 ggaacaagca atcaggaaaa cagcaggatt a

<210> 97

<211> 465

5 <212> DNA

<213> Zea mays

<400> 97

60 cgacggaagc agctcaacga cctttactcc tcgctccgct ccctcctccc ggacgctgac  
120 cacaccaaga agctgagcat ccccaccacc gtgtcccag tctcaagta catcccggag  
180 ctgcagaagc aggtggacaa cctggagagg aggaagcggg agctgaccaa cgccaactgc  
240 aagccgggag ttctcaacac cagcagatc gtaactactc ccattgttct tgctacttgc  
300 ctcaacgaca cgagatcat ggttcaggtc agcctgcaca gcaatgtggc agccacggct  
360 ctccctctct ccaagtgcac aaagtgctg gaggacgcag gccttcacct catcagctca  
420 tcaacctact ccaccttgg gaacaagaca ttctatagcc tccatcttca ggtgtgcatg  
465 catgttcatt caatggttcc tgccgtttcc ttcaattttt ttatc

10

<210> 98

<211> 241

ES 2 560 806 T3

<212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 98

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

10 <210> 99  
 <211> 242  
 <212> PRT

ES 2 560 806 T3

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 99

Met Cys Ala Leu Val Pro Pro Leu Tyr Pro Asn Phe Gly Trp Pro Cys  
1 5 10 15

Gly Asp His Ser Phe Tyr Glu Thr Asp Asp Val Ser Asn Thr Phe Leu  
20 25 30

5 Asp Phe Pro Leu Pro Asp Leu Thr Val Thr His Glu Asn Val Ser Ser  
35 40 45

Glu Asn Asn Arg Thr Leu Leu Asp Asn Pro Val Val Met Lys Lys Leu  
50 55 60

Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Glu Arg Arg Lys Lys Ile Asn Thr Met  
65 70 75 80

Phe Ser Ser Leu Arg Ser Cys Leu Pro Pro Thr Asn Gln Thr Lys Lys  
85 90 95

Leu Ser Val Ser Ala Thr Val Ser Gln Ala Leu Lys Tyr Ile Pro Glu  
100 105 110

Leu Gln Glu Gln Val Lys Lys Leu Met Lys Lys Lys Glu Glu Leu Ser  
115 120 125

Phe Gln Ile Ser Gly Gln Arg Asp Leu Val Tyr Thr Asp Gln Asn Ser  
130 135 140

Lys Ser Glu Glu Gly Val Thr Ser Tyr Ala Ser Thr Val Ser Ser Thr  
145 150 155 160

Arg Leu Ser Glu Thr Glu Val Met Val Gln Ile Ser Ser Leu Gln Thr  
165 170 175

Glu Lys Cys Ser Phe Gly Asn Val Leu Ser Gly Val Glu Glu Asp Gly  
180 185 190

Leu Val Leu Val Gly Ala Ser Ser Ser Arg Ser His Gly Glu Arg Leu  
195 200 205

Phe Tyr Ser Met His Leu Gln Ile Lys Asn Gly Gln Val Asn Ser Glu  
210 215 220

Glu Leu Gly Asp Arg Leu Leu Tyr Leu Tyr Glu Lys Cys Gly His Ser  
225 230 235 240

Phe Thr

<210> 100

10 <211> 207

ES 2 560 806 T3

<212> PRT  
<213> *Oryza sativa*

<400> 100

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

<210> 101  
<211> 237  
<212> PRT  
<213> *Panicum virgatum*

<400> 101

10

# ES 2 560 806 T3

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

- 5 <210> 102
- <211> 244
- <212> PRT
- <213> Sorghum bicolor

- 10 <400> 102

# ES 2 560 806 T3

Met Asp His Gln Leu Phe Asp Asp Pro Phe Gly Ser Ser Ile Ser Ser  
 1 5 10 15

Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ser Ala Gly Gly Gly Gly Gln Leu Pro Ser  
 20 25 30

Pro Pro Trp Pro Asp Leu Asp Leu Asp Asp Asp Tyr Asp Ile His Asp  
 35 40 45

Leu Ser Ala Pro Ala Ala Asn Ala Ala Thr Ser Ser Gly Gly Gly Tyr  
 50 55 60

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

Asp Arg Arg Lys Gln Leu Asn Glu Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ser Leu  
 85 90 95

Leu Pro Asp Ala Asp His Thr Lys Lys Leu Ser Ile Pro Thr Thr Val  
 100 105 110

Ser Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln Val Asp Asn  
 115 120 125

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

Val Leu Asn Thr Lys Glu Ile Val Thr Pro Ile Val Ser Ala Thr Cys  
 145 150 155 160

Leu Asn Asp Thr Glu Ile Met Val Gln Val Ser Leu His Ser Asn Val  
 165 170 175

Ala Ala Thr Ala Leu Pro Leu Ser Lys Cys Ile Lys Val Leu Glu Asn  
 180 185 190

Glu Gly Leu Leu Leu Val Ser Ser Ser Thr Tyr Ser Thr Phe Glu Asn  
 195 200 205

Lys Thr Phe Tyr Ser Leu His Leu Gln Arg Ser Gln Arg Thr Met Lys  
 210 215 220

Glu Gln Cys Pro Gly Phe Cys Asp Glu Leu Glu Lys Ile Val Arg Lys  
 225 230 235 240

Lys Ala Gly Ala

- 5 <210> 103
- <211> 139
- <212> PRT
- <213> Triticum aestivum

- 10 <400> 103

# ES 2 560 806 T3

Ala Ser Cys Arg Arg Val Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Lys Gln  
 1 5 10 15

Val Asp Gly Leu Glu Lys Lys Lys Glu Glu Leu Thr Arg Ala Asn Cys  
 20 25 30

Lys Pro Gly Val Leu Thr Met Lys Glu Asn Met Ala Pro Ile Val Ser  
 35 40 45

Ala Thr Cys Leu Asp Asp Arg Glu Ile Met Val Gln Val Ser Leu Val  
 50 55 60

Ser Thr Met Ala Gly Val Leu Pro Met Ser Lys Cys Ile Lys Val Leu  
 65 70 75 80

Glu Asn Glu Gly Leu Arg Leu Ile Ser Ser Ser Thr Ser Ala Phe His  
 85 90 95

Asn Arg Thr Phe Tyr Ser Leu His Leu Gln Arg Thr Gln Arg Thr Met  
 100 105 110

Ser Lys Glu Cys Pro Ala Phe Cys Glu Glu Leu Glu Asn Ala Leu Thr  
 115 120 125

Gln Lys Ala Gly Leu Arg Leu His His His Gln  
 130 135

- 5 <210> 104
- <211> 235
- <212> PRT
- <213> Triticum aestivum

- 10 <400> 104

# ES 2 560 806 T3

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

5 <210> 105  
 <211> 155  
 <212> PRT  
 <213> Zea mays

10 <400> 105

# ES 2 560 806 T3

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

- 5 <210> 106  
 <211> 37  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial
  
- 10 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
  
 <400> 106
  
- 15 aaatctagaa tgtgtgcatt agtacctcca ttgttc  
  
 <210> 107  
 <211> 40  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial
  
- 20 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente
  
- 25 <400> 107  
  
 aaaggatcct catatatatg agttccaca ttctcatac
  
- 30 <210> 108  
 <211> 34  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>

<223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 <400> 108

5 aaatctagaa tggagtatcc atggctgcag tctc  
 <210> 109  
 <211> 34  
 <212> DNA  
 10 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente

15 <400> 109  
 aaaggatcct tatgattggc gtaatcccaa gagc  
 <210> 110  
 20 <211> 31  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 25 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 <400> 110  
 acgtgtcgac ctagccaat ggatgaggat g  
 30 <210> 111  
 <211> 31  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 35 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 <400> 111  
 40 acgttctaga ttttgttta ctgtagaaga g  
 <210> 112  
 <211> 33  
 45 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 50 <400> 112  
 acgtgtttaa acgcatagac tctcagcgga gag  
 55 <210> 113  
 <211> 31  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 60 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 <400> 113  
 65 acgtgctagc gaaaactcct ggtgagagt g

<210> 114  
 <211> 34  
 <212> DNA  
 5 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
  
 10 <400> 114  
  
 acgtgctagc atgattgaac aagatggatt gcac  
  
 <210> 115  
 15 <211> 30  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>  
 20 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
  
 <400> 115  
  
 acgtgtcgac ctgcaggcat gcaagcttgg  
 25  
 <210> 116  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 30  
 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
  
 <400> 116  
 35  
 acgtgtcgac ctctggatgc ctaaacaac gac  
  
 <210> 117  
 <211> 30  
 40 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 45  
 <400> 117  
  
 acgttctaga ggctttgtc ggtcggcctg  
  
 <210> 118  
 <211> 30  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 50  
 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
  
 <400> 118  
  
 60 acgtgtcgac ggaggtgcag tttgcagcag  
  
 <210> 119  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 65 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 5 <400> 119  
 acgttctaga tatagagaga gggatgacaa cga  
 <210> 120  
 10 <211> 31  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 15 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 <400> 120  
 acgttctaga atggggcaca agcagctgtt c  
 20 <210> 121  
 <211> 31  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial  
 25 <220>  
 <223> Una secuencia de cebador sintetizada artificialmente  
 <400> 121  
 30 acgtgatcc tcaactgatgc atatgcagtc c  
 <210> 122  
 <211> 258  
 35 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> secuencia proteica de AtbHLH39  
 40 <400> 122

# ES 2 560 806 T3

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

5 <210> 123  
 <211> 253

ES 2 560 806 T3

<212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> secuencia proteica de AtbHLH38

<400> 123

Met Cys Ala Leu Val Pro Ser Phe Phe Thr Asn Phe Gly Trp Pro Ser  
 1 5 10 15

Thr Asn Gln Tyr Glu Ser Tyr Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Leu Asn Asn  
 20 25 30

Gly Thr Phe Leu Glu Leu Thr Val Pro Gln Thr Tyr Glu Val Thr His  
 35 40 45

His Gln Asn Ser Leu Gly Val Ser Val Ser Ser Glu Gly Asn Glu Ile  
 50 55 60

Asp Asn Asn Pro Val Val Val Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu  
 65 70 75 80

Arg Asp Arg Arg Lys Lys Ile Asn Thr Leu Phe Ser Ser Leu Arg Ser  
 85 90 95

Cys Leu Pro Ala Ser Asp Gln Ser Lys Lys Leu Ser Ile Pro Glu Thr  
 100 105 110

Val Ser Lys Ser Leu Lys Tyr Ile Pro Glu Leu Gln Gln Gln Val Lys  
 115 120 125

Arg Leu Ile Gln Lys Lys Glu Glu Ile Leu Val Arg Val Ser Gly Gln  
 130 135 140

10 Arg Asp Phe Glu Leu Tyr Asp Lys Gln Gln Pro Lys Ala Val Ala Ser  
 145 150 155 160

Tyr Leu Ser Thr Val Ser Ala Thr Arg Leu Gly Asp Asn Glu Val Met  
 165 170 175

Val Gln Val Ser Ser Ser Lys Ile His Asn Phe Ser Ile Ser Asn Val  
 180 185 190

Leu Gly Gly Ile Glu Glu Asp Gly Phe Val Leu Val Asp Val Ser Ser  
 195 200 205

Ser Arg Ser Gln Gly Glu Arg Leu Phe Tyr Thr Leu His Leu Gln Val  
 210 215 220

Glu Asn Met Asp Asp Tyr Lys Ile Asn Cys Glu Glu Leu Ser Glu Arg  
 225 230 235 240

Met Leu Tyr Leu Tyr Glu Lys Cys Glu Asn Ser Phe Asn  
 245 250

# ES 2 560 806 T3

<210> 124

<211> 242

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia proteica de AtbHLH100

10 <400> 124

Met Cys Ala Leu Val Pro Pro Leu Tyr Pro Asn Phe Gly Trp Pro Cys  
1 5 10 15

Gly Asp His Ser Phe Tyr Glu Thr Asp Asp Val Ser Asn Thr Phe Leu  
20 25 30

Asp Phe Pro Leu Pro Asp Leu Thr Val Thr His Glu Asn Val Ser Ser  
35 40 45

Glu Asn Asn Arg Thr Leu Leu Asp Asn Pro Val Val Met Lys Lys Leu  
50 55 60

Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Glu Arg Arg Lys Lys Ile Asn Thr Met  
65 70 75 80



# ES 2 560 806 T3

Leu His Phe Pro Ser Phe Leu His Pro Leu Asp Asp Ser Lys Ser His  
                   20                                  25                                  30

Asn Ile Asn Leu His His Met Ser Leu Ser His Ser Asn Asn Thr Asn  
           35                                  40                                  45

Ser Asn Asn Asn Asn Tyr Gln Glu Glu Asp Arg Gly Ala Val Val Leu  
       50                                  55                                  60

Glu Lys Lys Leu Asn His Asn Ala Ser Glu Arg Asp Arg Arg Arg Lys  
   65                                  70                                  75                                  80

Leu Asn Ala Leu Tyr Ser Ser Leu Arg Ala Leu Leu Pro Leu Ser Asp  
                   85                                  90                                  95

Gln Lys Arg Lys Leu Ser Ile Pro Met Thr Val Ala Arg Val Val Lys  
           100                                  105                                  110

Tyr Ile Pro Glu Gln Lys Gln Glu Leu Gln Arg Leu Ser Arg Arg Lys  
           115                                  120                                  125

Glu Glu Leu Leu Lys Arg Ile Ser Arg Lys Thr His Gln Glu Gln Leu  
   130                                  135                                  140

Arg Asn Lys Ala Met Met Asp Ser Ile Asp Ser Ser Ser Ser Gln Arg  
   145                                  150                                  155                                  160

Ile Ala Ala Asn Trp Leu Thr Asp Thr Glu Ile Ala Val Gln Ile Ala  
           165                                  170                                  175

Thr Ser Lys Trp Thr Ser Val Ser Asp Met Leu Leu Arg Leu Glu Glu  
           180                                  185                                  190

Asn Gly Leu Asn Val Ile Ser Val Ser Ser Ser Val Ser Ser Thr Ala  
           195                                  200                                  205

Arg Ile Phe Tyr Thr Leu His Leu Gln Met Arg Gly Asp Cys Lys Val  
       210                                  215                                  220

Arg Leu Glu Glu Leu Ile Asn Gly Met Leu Leu Gly Leu Arg Gln Ser  
   225                                  230                                  235                                  240

**REIVINDICACIONES**

1. Un método de producción de una planta transgénica que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a un control de tipo salvaje, que comprende transformar una planta, un cultivo de tejido de planta, o una célula de planta con un vector que comprende un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido bHLH subgrupo 1b seleccionado del grupo constituido por bHLH38, bHLH39, bHLH100, y bHLH101 para obtener una planta transformada, un cultivo de tejido de planta transformada, o una célula de planta transformada con expresión o actividad aumentada del gen bHLH subgrupo 1b, y cultivar dicha planta transformada o regenerar una planta a partir de dicho cultivo de tejido de planta transformada o célula de planta transformada, en el que se produce una planta que tiene tolerancia aumentada al estrés térmico con relación a un control de tipo salvaje.
2. El método de la reivindicación 1, en el cual dicho constructo de ácido nucleico comprende un promotor constitutivo, un promotor inducible o un promotor específico de tejido.
3. El método de la reivindicación 2, en el cual dicho promotor específico de tejido es un promotor de raíz.
4. El método de la reivindicación 1, en el cual dicho constructo de ácido nucleico comprende una secuencia de ácido nucleico seleccionada de SEQ ID NOs: 1-17.
5. El método de la reivindicación 1, en el cual dicho constructo de ácido nucleico comprende una secuencia de ácido nucleico seleccionada de SEQ ID NOs: 29-52.
6. El método de la reivindicación 1, en el cual dicho constructo de ácido nucleico comprende una secuencia de ácido nucleico seleccionada de SEQ ID NOs: 79-83.
7. El método de la reivindicación 1, en el cual dicho constructo de ácido nucleico comprende una secuencia de ácido nucleico seleccionada de SEQ ID NOs: 89-97.

Figura 1

Alineación ClustalW de las proteínas AtbHLH

```

AtbHLH39 -MCALVPPLFPNFGWPSTGEYDSYLAGDILNNGGFLDFVPPEETYGAVTAVTQHONSFG
AtbHLH38 -MCALVPSFFTNGFWPSTNQYESYYGAGDNLNNGTFLELTVP-QTY----EVTHHQNSLG
AtbHLH100 -MCALVPPLYPNFGWPCG--DHSFYETDDVSN--TFLDFPLP-----DLTVTHEN---
AtbHLH101 MEYPWLQSQVHSFSPFLHFPFLHPLDDSKSHNINLHHMSLS-----HSNNTNSNN
      . : . . * . . . . : : : : : : : *

AtbHLH39 VSVSSEGN-EIDNNPVVVKLNHNASERDRRRKINSLFSSLRCLPASGQSKKLSIPATV
AtbHLH38 VSVSSEGN-EIDNNPVVVKLNHNASERDRRRKINTLFSSLRCLPASDQSKKLSIPETV
AtbHLH100 --VSENNRTLLDNPVVMKKLNHNASERERRKKINTMFSSLRCLPPTNQTKKLSVSATV
AtbHLH101 NNYQEEDR---GAVVLEKKNHNASERDRRRKLNALYSSLRALLPLSDQKRKLSIPMTV
      ..*.. . * : *****:***:***:***:***: ** :.*:***:.. **

AtbHLH39 SRSLKYIPELQEQVKKLIKKEELLVQISGQRNTECYVK--QPPKAVANYISTVSATRLG
AtbHLH38 SKSLKYIPELQQQVKRLIQKKEEILVRVSGQRDFELYDK--QPPKAVASYLSTVSATRLG
AtbHLH100 SQALKYIPELQEQVKKLMKKKEELSFQISGQRDLVYTDQNSKSEEGVTSYASTVSSTRLS
AtbHLH101 ARVKYIPEQKQELQRLSRRKEELLKRISRKTHQEQLRNKAMMDSIDSSSSQRIANWLT
      : : ***** : : : : * : ***** : : * : . : . : . : : : . *

AtbHLH39 DNEVMVQISSSKIHNFSISNVLSGLEEDRFVLVDMSSSRSQGERLFYTLHLQVEKIENYK
AtbHLH38 DNEVMVQVSSSKIHNFSISNVLGGIEEDGFVLVDVSSSRSQGERLFYTLHLQVENMDDYK
AtbHLH100 ETEVMVQISSLQTEKCSFGNVLSGVEEDGLVLVGASSSRSHGERLFYSMHLQIK---NGQ
AtbHLH101 DTEIAVQIATSKWT--SVSDMLLRLEENGLNVISVSSSVSSTARIFYTLHLQMRG--DCK
      :.*: ***: : : * : : : * : : : : * * : : : : : : : : : : : : : :

AtbHLH39 LNCEELSQRMLYLYEECGNSYI 258 (SEQ ID NO: 122)
AtbHLH38 INCEELSERMLYLYEKCENSFN 253 (SEQ ID NO: 123)
AtbHLH100 VNSEELGDRLLYLYEKCCHSFT 242 (SEQ ID NO: 124)
AtbHLH101 VRLEELINGMLLGLRQS----- 240 (SEQ ID NO: 125)
      :. *** : :* ..
    
```