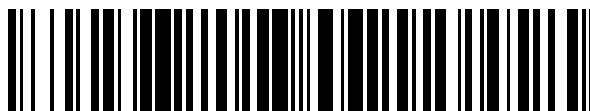


19



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.

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
25 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
45 estrés térmico con relación a un control de tipo salvaje que puede incluir aborto reducido de la floración y rendimiento aumentado.

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
50 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.

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 ³²P-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 (P₄₇₉₀) 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 µm. 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 y

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 ggctttgtcggtcggcctg	
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^R) 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^R. 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^R, y aquellos

linajes que exhibían 100% del fenotipo Kan^R 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_{1,5} (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_{1,5} nuevo y se incubaron ulteriormente a 26-28°C en la oscuridad. El callo friable se subcultivó en medio MSD_{1,5} 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_{1,5} 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_{1,5} líquido hasta una DO_{600nm} de 0,25 y 1,0 L *Agrobacterium* diluido o MSD_{1,5} 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_{1,5} líquido solo). Después de la sonicación, el callo se transfirió a papel de filtro estéril y se puso en medio MSD_{1,5} A (medio MSD_{1,5} 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_{1,5} líquido se transfirió a papel de filtro estéril, y se puso en medio MSD_{1,5} T (medio MSD_{1,5} 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 (NaPO₄ 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

ESPECIE	SEQ ID NO:	bHLH	Referencia	Tipo de secuencia	Longitud
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

ESPECIE	SEQ ID NO:	bHLH	Referencia	Tipo de secuencia	Longitud
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
 CTC AACATCAGAATAGCTTTGGTGTCTGTTTCGTCGGAGGAAATGAAATAGACAACAATCCGGTGGTTCGTC AAG
 AAGCTTAATCACAATGCTAGTGAGCGTGACCGTCGCAGGAAAATTAACCTTTGTTCTCATCTCTCCGTTTCATGTCT
 TCCTGCCTCTGGCCAATCGAAGAAGCTAAGCATTCTCGCAGCGTTTCTCGAAGCTTGAAGTACATACCAGAGCTGC
 AAGAGCAAGTGAAGAAGCTAATAAAAAAGAAGGAAGAGCTCTTGGTGCAAATTTTCAGGTCAAAGAACTGAATGT
 TACGTTAAGCAGCCACCAAGGCCGTCGCAATTATATCTCGACCGTTTCTGCGACTAGGCTTGGTGACAACGAAGT
 GATGGTCCAAATCTCATCGTCCAAGATTCATACTTTTCGATATCTAATGTTTTAAGTGGGTTAGAAGAAGATAGGT
 TTGTTCTTGTGGACATGCATCTTCAAGGTCTCAAGGAGAAAGGCTTTTCTACACTTTGCATTTACAAGTGGAGAAG
 ATTGAAAATTACAAGTGAATTGCGAAGAGTTAAGTCAGAGGATGTTGTACTTGTATGAGGAATGTGGAACTCATA
 TATATGA

>SEQIDNO:2

GCACGAGGCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACAGCAAGAAGCTGAGCATCCCCATCACTGTGACGC
 GGGTGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACACGCTGGAGAAGAAGAAGGAAGAGCTGACCCAGGCC
 AACTGCAAACCAGGAGTTGTGGCCATGAAGGAGAACACGGCTCCGATCGTGTCCGCCACCTGCCTCGA

>SEQIDNO:3

ATGGGGCACAAGCAGCTGTTTCGTGGACGACCCGTTTCGGAGCAGCATCTCGTCTCTGGAGGCGGAGGCCATCTTCTC
 CGGCGCCGGCGGGCAGTGGCGCGCCGGCGGGCCCTCGACGACCGTGACCTCTCCGCCATGCCGGCGGGCGCCAACA
 CCTCGTTCGGGCGGCTCCGGCTCTCCCGGGCGGCGGCGGAGGAAAGTACGACCAACAACGCTACGAGCGGACCCGCGC
 AAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACCGGACACACCGTATGCAAATCAAATG
 AAGCCATAGATCATAATTTGATCCTGAATCCTGATGGATCTGGTGATGATTTGACTAATTGCAGAAGAAGCTGAGCA
 TCCCGATCACAGTGTGCGGGTGTAAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGGAAGTGGACGGGCTGGAGAGGAAGAAG
 GAGGAGCTGACGCGCGCCAACCTGCAAGCCCGGGGTGATCGCCATGAAGGACCAGAACGTTGCTCCCGTCTCTCCGC
 GACCTGCCTCGACGACAAGGACATCATGGTTCAAGTCAAGTCTGCTCAGCGGCATGGCGGGCGGGCTCTGCCGATGT
 CCACGTGCATAAAGATTTGAGAAACGAAGTCTTCGCTCGTCAAGTCTGCTCCACTTCTGCCTTTGGGAACAGGACG
 TTCTATAACCTCCATCTTCAGGTAATTGGTACATCTGTCTGCATGAAGCCTAATTTCCCTATTGGTAATTATCAATG
 TCATCGATCCATGCTTGTGCGATTCAATTTGGCAAATTTGCCTCATACTTACTCGACATCGTAGTAGAAGAGAAGGA
 AAAAAAAGCCAGCATTTTCTTTGAGAAACAAGCACAACATTTCTGCTCCCAAGATCCATTCGAAAGCCGG
 GTGCACAACACTACGAGTAAAAATCGTTTCTTCTAGTTATATAACGTTGGTACCTTCAACTTAAATGAGCATCAG
 TTGATGCAGAGTGGTACCCTGTTTCGAAAAGACTTCAACATGGCACCATCTTCACTAGAGGTCCCCAGCCCCATA
 TTCAGACGAAGGCATCAATTTAGTCCATTAACCCCGTAGGTTGAGATTACAAAGGCTAGATTTATATAACGGTTTT
 GCTATTTCTAAGGCGACTGAGAAAATAGTATTTCTAACAACCATTTGATCCAATCACTGAGATTCGTGCAAGATCCA
 TACATATACAAAGTATTAGAAAACCTTAATCGGATGGATATGATCGTTGACTGAGAAATAGACTTCTTTTATGTA
 AAGGGTGTTTACTATATATATGTGGGTTTTGATATACTCATATTGAATAGATTTGAAGATCATGTCAGGCCCTACTT
 AGGGTAATCTGTTGTGAAATTAACCTGTGTTTATAGGGCAAAAACATTGTCTTATAAATCAGCACAAAATCAACGAA
 TTGGGAGTTTTTACGTAACAAAATAAATTTGTAGCAACACAAATTAATTGGCTACAATACAATCCAAGAACAACAAG
 ACGAGTATACACGGCAAACGATCATGCATATGGTGAGTTGGTGACCAGATCACCCGCTCTACTAGATGCTCCTAGAT
 GCATATGGTGCCATAATTTAGGAAAACCGAAC TGAAGAAGCACCTAAAAACGAGTATGAAATCATCAATCGACC
 AAGATTAGAGGTCCGTCTCATCATCGACAACATGAACAATTAAGATGCATGCTGGAGAACAGATAATCTAACACAGC
 CACAGGTTTATTACAAAAAGCTTAACAGAACTTCGCTAAAGCAACCAAGAATGAGAACAATAAATATATCTTCT
 AATAACATGTGTGTGCTGTTGTATAGCATCTGAAGCGTAATGCGAACTCTAATTTATCTGAAGTATGTAGTGTCT
 ATATGCTTATATAACATGTAATAAGCAATATATATTCATTAATTTCAATTTAATTTGTATACGAAACAGAGAAACC
 AGCGAACGATGAGCAAGGAGTGCCAGCGTTCTGTGACGAGCTGGAGAAAGCCATCAAGAAAAAGGCAGGACTGCAT
 ATGCATCAGTGA

>SEQIDNO:4

ATGGGGCACAAGCAGCTGTTTCGTGGACGACCCGTTTCGGAGCAGCATCTCGTCTCTGGAGGCGGAGGCCATCTTCTC
 CGGCGCCGGCGGGCAGTGGCGCGCCGGCGGGCCCTCGACGACCGTGACCTCTCCGCCATGCCGGCGGGCGCCAACA

CCTCGTCGGGCGGCTCCGGCTCTCCCGGGGGGGGGCAGGAAGATGAGCCACAACGCGTACGAGCGCGACCGCCGC
AAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCGACGCCGACCACCCAAGAAGCTGAGCATCCC
GATCACAGTGTGCGGGGTGCTAAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGGAAGTGGACGGGCTGGAGAGGAAGAAGGAGG
AGCTGACGCGCGCCAACTGCAAGCCCGGGGTGATCGCCATGAAGGACCAGAACGTTGCTCCCGTCTGCTCCGCGACC
TGCCTCGACGACAAGGACATCATGGTTCAGGTCAGCTTGCCTCAGCGGCATGGCGGGGGGGCTCTGCCGATGTCAC
GTGCATAAAGATTCTGGAGAACGAAGTCTTCGCCTCGTCAGCTCGTCCACTTCTGCCTTTGGGAACAGGACGTTCT
ATAACCTCCATCTTCAGAGAAACCAGCGAACGATGAGCAAGGAGTGCCAGCGTTCTGTGACGAGCTGGAGAAAGCC
ATCAAGAAAAAGGCAGGACTGCATATGCATCAGTGA

>SEQIDNO: 5

AAAAAAAAATTAGAAAAGAAGAAAAGAGTTTATCGGGTCTCTCTCACGAGTCACGGCGTCGACGAAACTGGAGGTGA
AGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCACTCCTGCAATATCTACTCCGACGCTGTCTCGTTAATT
TCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTGCGAGCTGTCACTGTCCATGCAACGAATAAATACTCT
GTGTCTGCATCGCTTTGACAGTGTCTGGTGTCTTATGATATGTCTCCGGTTTATGCTTTGCCAGATTCCGGAAGA
AGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTCTACAGTTTGCATCTTCAA
TGGGAAACATAAATAATCACGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATACTTGTATGAGGAATGCGGAA
ACTCGTTTAGATGATAATCTGTTCTGTTTCTTTTAGTTATGTCATCTGTTTCTCAACATGTAACATTTCATGTAGCC
GAGTTGTTTCGTTTATTTTCTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCGC

>SEQIDNO: 6

GACGGCGTCGACGAAACTGGAGGTGAAGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCCACTCCTGCAATAT
CTACTCCGACGCTGTCTCGTTAATTTTCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCTGTGTAAGCCCTAGGT
CTGATTTGTCTTTCTTTTAAATCGACGAAATTTGAAATTTGTGCGAGCTGTCACTGTCCATGCAACGAATAAATACTC
TGTGTCTGCATCGCTTTGACAGTGTCTGGTGTCTTATGATATGTCTCCGGTTTATGCTTTGCCAGATTCCGGAAG
AAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTCTACAGTTTGCATCTTCAA
ATGGGAAACATAAATAATCACGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATACTTGTATGAGGAATGCGGAA
AACTCGTTTAGATGATAATCTGTTCTGTTTCTTTTAGTTATGTCATCTGTTTCTCAACATGTAACATTTCATGTAG
CCGAGTTGTTTCGTTTATTTTCTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCACATTTAC

>SEQIDNO: 7

GACGACAAAAAAAAAATTAGAAAAGAAGAAAAGAGTTTATCGGGTCTCTCTCACGAGTCACGGCGTCGACGAAACT
GGAGGTGAAGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCCACTCCTGCAATATCTACTCCGACGCTGTCTGT
CGTTAATTTTCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTAAGCCCTAGGTGCGAGCTGTCACTGTCCA
TGCAACGAATAAATACTCTGTGTCTGCATCGCTTTGACAGTGTCTGGTGTCTTATGATATGTCTCCGGTTTATGC
TTTGCCAGATTCCGGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTC
TACAGTTTGCATCTTCAAATGGGAAACATAAATAATCACGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATAC
TTGTATGAGGAATGCGGAAACTCGTTTAGATGATAATCTGTTCTTGTCTTTTAGTTATGTCATCTGTTTCTCAAC
ATGTAACATTTCATGTAGCCGAGTTGTTTCGTTTATTTTCTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCACATTTACATGCT
ACTGAATATTGACTG

>SEQIDNO: 8

ACGACAAAAAAAAAATTAGAAAAGAAGAAAAGAGTTTATCGGGTCTCTCTCACGAGTCACGGCGTCGACGAAACTGGA
GGTGAAGCCATCTCCGATCGAGAGTCGCCGTCATCCCTATCCCACTCCTGCAATATCTACTCTGACGCTGTCTGTCT
TAATTTTCGGCACCTCCTCGCCAAGTCGCCATCGTCCCTGTCGTGTAAGCCCTAGGTCTGATTTGTCTTTCTTTTAA
ATCGACGAAATTTGAAATTTGTGCGAGCTGTCACTGTCCATGCAACGAATAAATACTCTGTGTCTGCATCGCTTTGACA
GTGCGTGGTGTCTTATGATATGTCTCTGGTTTATGCTTTGCCAGATTCCGGAAGAAGATGGGTTTGTCTTTGTT
GATGTTTCATCTTCTAGGTCTCATGGAGAAAGGCTCGTCTACAGTTTGCATCTTCAAATGGGAAACATAAATAATCA
CGAGCTGACGTGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATGTATACCTGTATGAGGAATGCGGAAACTCGTTTAGATGATAATC
TGTTCTTGTCTTTTGTGATGTCGTCTGTTTCTCAACATGTAACATTTCATGTAGCCGAGTTGTTTTCGTTTATTTT
CTTGTGCGAAATCAATGATCGATTATCACATTTACATGCTACTGAATATTGACTGATTACTATGAAATTCACTAATAT

>SEQIDNO:9

ATGGTTGCTTTGTTTTCCCTCCGGTGTTCACCAAGGGATGGTTCCTTAGAAGAAGAGCCATTAAGCTATGATGT
 GTCTTCAGATTACTCATTTCCTATCAATTTTTTGACCACAGACACAGATTGAACCTTGAATAGAAAGGTCCTCTG
 CACCATCCCTGAAGACCCTGCCATGGTCAAAAAGCTTAGCCACAACGCTAGTGAACGTGATCGCCGCAAGAAGTT
 AATGACTTGGTTCTTCACTTCGTTCACTTCTTCTGGGCCAGATCAAACGAAAAAATGAGCATTCCAGCTACAGT
 TTCGCGAGTTTTAAAATACATACCTGAGTTACAACATCAAGTGAAGCACTAACTAAGAAAAAAGAGGAGCTTCTGT
 GCAGAATTTCAAAAATCTCAAAGGAGATTCGGTGAACAAAGAATCTCAAAGGAGAATTTCCCATCACAAATTCTGAT
 TTTGCTGTTTCAACTAGTAGGCTCAACGATTGGAAGCTGTTGTTACATTTCTCTTATGAGGCTCACAAAGCTCC
 ACTATCCGACATCTTGAATGTTAGAAAATAATGGCCTTTATTTGCTAAATGCTTCTTCTCTGAACTTTTGGAG
 GAAGGGTCTTCTACAATTTCCAGGTGGAAAAAATCATAGATTAGAGTCCGAAATTTCTAACTGAGAAGCTT
 TTGTCAATATATGAGAAGCAAAGGATTTTC

>SEQIDNO:10

ATGGGGCACCAGACCAGATGTTTCGACGACCCGTTTCGCGAGCAGTATGTCGTCCCTGGACGCAGACATCTTCTCCGT
 CGCCGGCGGCTCCACCATCGCAGTGGCCGGGACTCGACCAGCAGCTCTCGTGGCGCCGGCTGCCAACACGGCA
 CCTCCTCCGGCGGCTACGGTCCCCGGGGGGCGGCGATGGCTCGGGCTCCCACCAGGATCAGCCACAACCGGTAC
 GAGCGGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCGACTCCGATCACACCAA
 GAAGCTGAGCATTCCGATCACGGTGTTCGCGGGTGTCAAGTACATCCCAGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGG
 AGAAGAAGAAGGAGGAGCTTACGAGGGCCAGCTGAAGCCAGGCGTATTGACCATGAAGGAGAACACGGTCCCAGTC
 GTGTCCGCCACTGCCTCGACGAAAGGGAGATCATGGTCCAGGTTAGCTTGGTGAGCACCATGGCCGGAGCTCTGCC
 CATGTCCAAGTGCATCAAAGTGTGGAGAACGAAGGCCTCCGCCTCATCAGCTCGTCCACTTCTGCTTTCCAGAACA
 GGACGTTCTATAGCCTCCATCTTCAAGAAACCAACGGACGATGAGCAAAGAGTGTCCGGCATTGTTGAAGAAGT
 GAGAATGCCCTGACGCAGAAGCGGGACTACGTCTACATCACCAG

>SEQIDNO:11

ATGACCCCTTCTCGAGCAGCATCTCGTTCGTTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCGCGCGCCAGCGGCGCGTTCGCGCC
 GTGGCCGGACCTCGAACTCGACCTCGACCTCGACGACGACGACATCCACGACCTTCCGCGCGCGGCGCAACGCCA
 CCTCCTCAGGAGGCTATGGTTCGGGCGGAGGCTCCGGCGGCTCCCACAGGAAGCTCAGCCACAACCGGTACGAGCGC
 GACCGCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCGAGCTGACCACACTAAGAAGCT
 GAGCATCCCCACCACGGTCTCCCGAGTCTCAAGTACATCCCAGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGGAGAGGA
 GGAAGAAGGAGCTGACGAACGCCAACTGCAAAACAGGAGTTCTGAAGACGAGCCAGATTGTAACCTCCCATGTTTCT
 GCTACCTGCCTCAACGATACGGAGATCATGGTTCAGGTCAGCTGCAGAGCAATGTGGCTGCCACAAGTCTTCTCT
 GTCCAAGTGCATAAAAAGTGTGGAGAACGAAGGCCTTCACTGATTAGTTCATCACTTACTCCACTTCGACAACA
 GGACATTCTATAGCCTCCATCTTCAAGAAACGATGAAGGAGGAGTCCCGAGCATTCTGCGATGAAGT
 GAGAGGATTATCAAGAAGAAAGCAGGGGCG

>SEQIDNO:12

ATGTTAGCCATTTCTTCTTCTCTCCTCTTATTTTCTACTACTACTAATAATTTGGTTGGCTTTTGAAGATCT
 TATAAGCCATGAATTAACAAATAGTGGAGAACTTCAAATTCATCTCAAAAAAGCCTTCAACATTGTGATTCAAATA
 AATTTGATCAAATATTATCAACAGTGGTGATCAGTATCAACCTGATCAGACGGTTAAGAAGCTTAATCATAACGCA
 AGTGAACGTGACCGTAGAAAGAAAATCAACAGCTTATATTCTTCTTCTCGTTCCTTACTACCTCCTCTGATCATA
 GAAAAGCTAAGCATTCCATCAACAGTATCAAGAATTCTAAAG

>SEQIDNO:13

ATGGGGCACCAGCACCAGATGTTCAACGACCCCTTCGCGAGCAGCATGTCGTCACTGGAGGAAGACATGTTCTCCGG
 TGCCGGAGGCTACCACCACCTCAGCCGTCATGCAGTGGCCGGCTTGGATAACGACATACCGTCCGGCGCCGGCTG
 CCAACAACGCCACCTCCTCCGGTGGCTCTGGATCACACCGCAAGATGAGTCACAACCGGTACGAACGTGACCGCCGC
 AAGCAGTCAACGAGCAATATTCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCGACGATGATCACACCAAGAAGATGAGCATTCC
 GACCAGGTGTTCGCGGGTGTCACTACATCCCAGGAGCTGCAGAAGGAGGTAGACCAGCTGGAGAAGAAGAAGGAGG
 AGCTGAGGCGGGGAGCTGCGAGCAAGGCGCCATGAGGCAGAACACGGCCCGATCGTGTCCGCCACCTGCCTCGAC
 GACAGGGAGATCATGGTCCAGGTGAGCCTGGTGGAGCACCATGGCCGGAGCTTGCATGTTCAAGTGCATCAAGGT

ES 2 560 806 T3

GCTGGAGAACCAAGGCCTTCGCCTCATAAATTCCTCGACTTCCGCGTTTCAGAACAGGACGTTCTACAGCCTCCATC
TTCAGAGAACCCACGGACAATGAGCAAGGAGGGCCAAACATTTTGTAAACGAATTGGAGAACGCTGTGAAGCAAAA
GCGGGACTACATCTACATCAT

>SEQIDNO:14

ATGGGGCACCAGCACCAGATGTTTCGAAGACCCGTTTCGCGAGCAGCATATCGTCGCTGGAGGCCGAGATATTCTCCGT
CGCCGGCGGCCACCACCATACGCAGTGGCCGGGGCTCGACCACGACATCCCCTGGCCCCGGCTGCCAATAACGGCA
CCTCCTCCGGCGGCTACGGCTCCCCCGGGGGCGGCGATGGCTCGGGCTCCCATCGCAAGATCAGCCACAACGCCTAC
GAGCGCGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACACGAA
GAAGCTTAGCATTCGGATCACGGTGTGCGGGGTGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGCCTGG
AGAAGAAGAAGGAGGAGCTGACGCGCGCCAGCTGCAAGCCCGGCTGCTGACCATGAAGGGGGACACGGCTCCGATC
GTGTCNCCACTGCCTCGACGACAGGGAGATCATGGTCCANNGTCAGCTGGTGAACCATGGGCGGAGTCTGCCA
TGTCGAAGTGTCTAGGTGTGAGACGAAGGCTCGGCTCATAGTGTCTACTCCGGTTCAGACAGACTCTATATTATCT
C

>SEQIDNO:15

ATGGGGCACCAGCACCAGATGTTTCGAAGACCCGTTTCGCGAGCAGCATATCGTCGCTGGAGGCCGACATCTTCTCCGT
CGCCGGCGGCCACCACCATCCGCAGTGGCCGGGGCTCGACCACGACGTCCTCCGTTGGCGCCGGCTGCCAACAACGGCA
CATCCTCCGGCGGCTACGGCTCCCCCGGTGGCGGGCAGCGCTCGGGCTCCCACCGCAAGATCAGCCACAACGCCTAC
GAGCGCGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACACGAA
GAAACTGAGCATTCGGATCACGGTGTGCGGGGTGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGG
AGAAGAAGAAGGAGGAGCTGACGCGCGCCAACTGCAGCCCGGCGTGTG

>SEQIDNO:16

AACAACGCCACCTCCTCCGGCGGCTCTGGATCACACCGAAAGATGAGTCACAACGCGTACGAGCGTGACCGCCGCAA
GCAGCTCAACGAGCAATATTCTCCCTCCGCTCCCCTCCCGATGACGACCACAATAAGAAGATGAGCATTCGGA
CCACGGTGTGCGGGGTGATCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGGAGGTAGACGGCCTGGAGAAGAAGAAGGAGGAG
CTGAGCGGGCCAGCTACGAGCAAGCGCCA

>SEQIDNO:17

CGTGTCCCGAGTTCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGGAGAGGAGGAAGAAGGAGCTGA
CCAACGCCAACTGCAAGCCGGGAGTTCTGAAAACCAACCAAGGCCGTAACCTCCATGTTTTCTGTACCTGCCTCAAC
GACACGGAGATCATGGTTCAGGTGACCTGCACAGCGATGTGGCCGCCACAGCTCTCCCTCTCTCCAAGTGCAT

>SEQIDNO:18

MCALVPLPFPNFGWPSTGEYDSYYLAGDILNNGGFLDFPVPEETYGAVTAVTQHQNSFGVSVSSEGNEIDNNPVVVK
KLNHNASERDRRRKINSLFSSLRSCLPASGQSKKLSIPATVSRSLKYIPELQEQVKLIKKEELLVQISGQRNTEC
YVKQPPKAVANYISTVSATRLGDNEVMVQISSKIHNFISINVLSGLEEDRFVFLVDMSSSRSQGERLFYTLHLQVEK
IENYKLNCEELSQRMLYLYEECGNSYI

>SEQIDNO:19

RHEASLRSLLPDTHSKKLSIPITVTRVLKYIPELQKQVDTLEKKKEELTQANCKPGVVAMKENTAPIVSATCLDDR
DIMVQVSLLSNMAGALPVSKCIKVLNEGLRLVSSSTSAFQNKTFYSLHVQRTQRTISKVCPAFCDLENAIKRAGM
RLQQ

>SEQIDNO:20

MGHKQLFVDDPFASSISSLEAEAFSGAGGQWRAGGLDDRDLSAMPAAANTSSGGSGSPGGGRKMSHNAYERDRR
KQLNELYSSLRSLLPADHTKKLSIPITVSRVLKYIPELQKEVDGLERKKEELTRANCKPGVIAMKDQNVAPVVSAT

ES 2 560 806 T3

CLDDKDIMVQVSLLSGMAAAALPMSTCIKILENEGLRLVSSSTSFAFGNRTFYNLHLQRNQRRTMSKECPAFCDELEKA
IKKKAGLHMHQ

>SEQIDNO:21

MVALFSPVPVSTKGFLEEEPLSYDVSSDYSFPYQFFAPQTQIELEIERSSAPSPEDPAMVKKLSHNASERDRRKKV
NDLVSSLRSLLPDQTKKMSIPATVSRVLKYIPELQHQVQALTKKKEELLCRISKNLKGDSVNKESQRRISHHNSD
FAVTSRLNDCEAVVHISSYEAHKAPLSDILQCLENNGLYLLNASSSETFGGRVFNHLHFQVEKTHRLESEILTEKL
LSIYEKQRIF

>SEQIDNO:22

MGHQTMFDDPFASSMSLDADIFSVAGGLHPSQWPGLDHVDVSLAPAANNGTSSGGYGSPPGGDGSGRKISHNAY
ERDRRKQLNELYSDLRSLLPDSDHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRASCCKPGVLTMKENTVPI
VSATCLDEREIMVQVSLVSTMAGALPMSKCIKVLNEGLRLISSSTSFAFNRTFYSLHLQRTQRTMSKECPAFCDEL
ENALTQKAGLRLHHQ

>SEQIDNO:23

MTPSRAASRRWRRTSSPPAASGASPPWPDLELDLDDDDIHDLSAPAANATSSGGYGSPPGGDGSGRKLSHNAYER
DRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLKTSQIVTPIVS
ATCLNDTEIMVQVSLQSNVAATSLPLSKCIKVLNEGLHLISSSTYSTFDNRTFYSLHLQRSQRTMKECPAFCDEL
ERIKKKAGA

>SEQIDNO:24

MLAISSSSPPLFSTTTNFGWLEDLISHELTNSGETSNSSQKSLQHCDNSNKFDQIIINSGDQYQPDQTVKKLNHNA
SERDRRKINSLYSSLRSLLPDSDHTKKLSIPTVSRILK

>SEQIDNO:25

MGHQHQMFNDPFASSMSLEEDMFGAGGYHHLTPSQWPGLDNDIPSPAANNATSSGGYGSPPGGDGSGRKMSHNAYERDRR
KQLNEQYSSLRSLLPDDHTKKMSIPTVSRVINIPELQKEVDRLKKEELRRGSCEQGAMRQNTAPIVSATCLD
DREIMVQVSLVSTMAGALPMSKCIKVLNQGLRLINSSTSFAFNRTFYSLHLQRTQRTMSKEGQTFCNELENAVQKQ
AGLHLHH

>SEQIDNO:26

MGHQHQMFEDPFASSISSLEAEIFSVAGGHHHTQWPGLDHDIPLAPAANNGTSSGGYGSPPGGDGSGRKISHNAY
ERDRRKQLNELYSDLRSLLPDTHHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRASCCKPGVLTMKGDTAPI
VSXHCLDDREIMVXXQLVSTMGVCHVKCSGAETKARLIVVTPVQTDSEIFIS

>SEQIDNO:27

MGHQHQMFEDPFASSISSLEADIFVAAGHHHPQWPGLDHVDVPLAPAANNGTSSGGYGSPPGGDGSGRKISHNAY
ERDRRKQLNELYSDLRSLLPDTHHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRANCS PAC

>SEQIDNO:28

NNATSSGGYGSGRKMSHNAYERDRRKQLNEQYSSLRSLLPDDHKKMSIPTVSRVIKYIPELQKEVDGLEKKKEE
LRRASIEQAP

>SEQIDNO:29

ATGTGTGCATTAGTCCCTTCATTTTTCACAACTTCGGTTGGCCGTCAACGAATCAATACGAAAGCTATTACGGTGC
CGGAGATAACCTAAATAACGGCACATTTCTTGAATTGACGGTACCACAGACTTATGAAGTGACTCATCATCAGAATA
GCTTGGGAGTATCTGTTTCGTCAGAAAGAAATGAGATAGACAACAATCCGGTTGTGGTCAAGAAGCTTAATCACAAT

ES 2 560 806 T3

GCTAGTGAACGTGACCGACGCAAGAAGATCAACACTTTGTTCTCATCTCTCCGTTTCATGTCTTCCAGCTTCTGATCA
ATCGAAGAAGCTAAGTATTCCTGAAACGGTTTCAAAGAGCTTAAAGTACATACCAGAGCTGCAACAGCAAGTGAAGA
GGCTAATACAAAAGAAGGAAGAAATTTTGGTACGAGTATCGGGTCAAAGAGACTTTGAGCTTTACGATAAGCAGCAA
CCAAAGCGGTTCGCGAGTTATCTCTCAACGGTTTCTGCCACTAGGCTTGGTGACAACGAAGTGTGGTCCAAGTCTC
ATCGTCCAAGATTCACTAATTTTCGATATCAAATGTGTTGGGTGGGATAGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGGATG
TTTCATCATCAAGATCTCAAGGAGAGAGGCTCTTCTACACTTTGCATCTTCAAGTGGAGAATATGGATGATTACAAG
ATTAATTGCGAAGAATTAAGTGAAGGATGTTGTACTTGTACGAGAAATGTGAAAACCTCGTTTAACTAG

>SEQIDNO: 30

ATGTGTGCATTAGTCCCTCCATTGTTCCCAAACTTTGGGTGGCCGTCGACAGGAGAGTACGAGAGTAACCTACCTGGC
CGGAGTGAACCTCGAGGACTTTACGTTTCTTGATTTTCCGGCACCAGAGACATATGGAGTGAACATCATCAGGAGA
TTCAGGAAATGTTGGGGTCTCTGTTCCGTCAGGGGAATGGAGTTGTAACCAAGAAGCTTAATCACATGCTAGT
GAGCGTGACCGTCGCAAGAAGATCAACTCTTTGTTCTCGTCTCTCCGTTTCATGTCTCCCAGCTTCTGATCAAACGAA
GAAGCTAAGTATTCCTCAGACGGTTTCTCGGAGCTTGAAGTACATTCCAGAGCTGCAAGAGCAAGTGAAGAAGCTAA
TACAAAAGAAGGAAGAACTTTGGTGCAGATATCAGGTCAAAGAGCCATTGAACATTATGTTGAGCCGAGCCAAAG
GCCGTTGCACGTTACGTTCTCGACCATTTCTGCGACTAAGCTTGGAGACAACGAAGTGTGGTCCAAATCTCATCGTC
CAAGAATCATAACTTTTCGATATCTAATGTGTTGAGTGGGTTAGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCAT
CTTCCAGGTATCATGAAAATGGCTCTTCTACTCTTTCATCTTCAAATGGGAAATAAAGATAATCACAACTGAAG
TGCGAAGAGCTAAGCCAGAGAATTTGTACTTGTATGAGGAATGTGAAAACCTCATTAGA

>SEQIDNO: 31

ATGTGTGCATTAGTCCCTCCACTGTTCCCGACTTTGGGTGGCCGTCGACGGCAGGTTACGAGAGCTACTACCTCGG
CGGAGAAAACCTCAACAACGACATGTTTCTTGATTTTCCGGTGTGGAAACTTATGGAGTATGGCTCATCATCAGA
ACAGCTTAGGAGTTTCTGTTTCGTCGGAGGGAATGGAATAGACAACAACCCGGTTGTTAAAAGAAGCTTAATCAC
AATGCTAGTGAGCGTGACCGTCGCAAGAAGATCAACTCTTTGTTTGCATCTCTCCGCTCATGCTTCCAACCTCAGA
TCAATCGAAAAGCTAAGCATTTCAGCCACCGTTTCACGAAGCTTGAAGTACATACCAGAGTTGCAAGAGCAAGTGA
AGAAGTTATTACAAAAGAAGGAAGAACTCTTGGTTCGAGTATCAGGTCAACGAGACATTGAACCTTACGTTAAGCCA
CAACCAAGGCAATTGCAAGTTATGTTCTCCACTGTTTCCGCGACTAGGCTTGGAGACAACGAAGTGTGGTCCAAAT
CTCATCATCCAAGATTCATAACTTCTCGATATCTAAAGTGTAACTGGGTTAGAAGAAGATGGTTTTGTCTTGTGG
ATGTTTCATCTTCAAGGTTTCAAGGGGAAAGGCTTTTCTACACTTTGCATCTTCAAGTAGAAAATATGGATGATCAT
TACAAAATGAATTGCGAAGAGTTAAGTGAAGGATGTTGTACTTGTACGAGGAATGTGAAAATNNNTTAG

>SEQIDNO: 32

ATTCCTCAGACGGTTTCTCGGAGCTTGAAGTACATACCAGAGCTACAAGAGCAAGTGAAGAAGCTAATACAAAAGAA
GGAAGAAGCTTTGGTGCAGATATCAGGTCAAAGAGACATTGAACATTACGTTGAGCCGCACCCAAAGCCGTTGCAC
GTTACGTTCTCGACATTTCTGCGACTAAGCTTGGAGACAACGAAGTGTGGTCCAAATCTCATGTTCCAAGAAATCAT
AACTTTTCGATATCTAATGTGTTGAGTGGGTTAGAAGAAGATGGGTTTGTCTTGTGATGTTTCATCTTCAAGGTC
TCATGGAGAAAGGCTCTTCTACACTTTGCATCTTCAAATGGGAAATAAAGATGATTACAACTGACATGCGAAGAGC
TACCCAGAGAATGTTATACTTGTATGAGGAATGTGAAAACCTCGTTTAGA

>SEQIDNO: 33

ATTCCAACCTCCCTCACAAAGCCACAAGCAGCGACCTTAGCATGGTCAAGAACTTATCCGCAATGCTAGTGAACGAGA
TCGCCGCAAGAAAATCAATACTTTGTATTCTTCACTTCGTTCACTTCTTCCGTGGCAGAACAGATGAAGAAGTTGA
GCAATCCGGCAACAATTTACAGAGTCTTAAAGTACATACGTGAGTTACAGAAGCAGGTAGAAGGACTACTTACGAGA
AAGGAGGCGATTTTATTGAAACTATCTCCAGAAGTAGATGAGGTGAAGAGTAAAGAATCTGAGAGGAAG

>SEQIDNO: 34

AGCGACCGCCGCAAGCAGCTCAACGAGCAATATTCCTCCCTCCGCTCCCTCCTCCCCGATGACGATCACAAATAAGAA
GATGAGCATTCCGACCACGGTGTCCGGGTGATCAAGTACATCCCGGAGCTACAGAAGGAGGTGACGGTCTGGAGA
AGAAGAAGGAGGAGCTCAGGCGAGCTAGCAGCGAGCAAGGCGTGCTGACTATGAGGCAGAACACGGCTCCTGTCTC
TCCGCCACCTGCCCTGACGACAGGAAATCATGGTCCAGGTCACTGTTGGTGAGCACCATTGGCCGAGCTTGGCCAT
GTCCAAGTGCATCAAGGTGCTGGAGAACGAAGGCTTCCGCTCATAAATTCCTCGACTTCCGCGTTCCAGAACAGGA

ES 2 560 806 T3

CCTTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAACCCAAACGAACAATGAGCAAGGAGGGCCAAACATTTTGTAACTGAG
AACGCCGTGAAGCAAAGGCAGGACTGCATCTGCATCAT

>SEQIDNO: 35

ATGGGGCACCAGACCCAGATGTTTCGACGACCCGTTTCGGGAGCAGTATGTCGTCCTGGACGCAGACATCTTCTCCGT
CGCCGGCGGCTCCACCCATCGCAGTGGCCGGGACTCGACCACGACGTCGCTGGCGCCGGCTGCCAAACACGGCA
CCTCCTCCGGCGGCTACGGCTCCCCCGGGGGCGGCGATGGCTCGGGCTCCCACCGCAAGATCAGCCACAACCGGTAC
GAGCGGACCGCCGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACTCCGATCACACCAA
GAAGCTGAGCATTCCGATCACGGTGTTCGCGCGTGTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGG
AGAAGAAGAAGGAGGAGCTTACGCGGGCCAGCTGCAAGCCAGGCGTATTGACCATGAAGGAGAACACGGTCCCGATC
GTGTCCGCCACCTGCCTCGACGAAAGGGAGATCATGGTCCAGGTTAGCTTGGTGGACCCATGGCCGGAGCTCTGCC
CATGTCCAAGCGCATCAAAGTGTGGAGAACGAAGGCCTCCGCCTCATCAGCTCGTCCACTTCTGCTTCCAGAACA
GGACGTTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAACCCAAACGGACGATGAGCAAAGAGTGTCCGGCATTTTGTGAAGAAGTG
GAGATGCCCTGACGCAAGGCGGGGTACGTCTACATCACCAGTAGATTATATGTAGCAGAATAA

>SEQIDNO: 36

ATGTTAGCGATATCTCCTCCTATGTTTTCAACAATTGGATGGCCCTTTGAGGAGCCTTTAAGCCATAACCAGCATCA
GAATTCATCTACAAAGACACTGTTGATCAATTATTTAATTTTCATGATCAAGTTGAGGCAGAAATTAATTCAACAG
ATCCCTCACAATCCACAAGCAGTGACCTTAGCATGGTCAAGAAGCTTGTTCATAATGCCAGTGAACGCGATCGCCGC
AAGAAGATCAATAATTTGTATTTCATCACTTCGATCACTCCTCCTGTTTCTGATCAAATGAAATTAAGCATTCCGGG
AACAATTTCTAGAGTCTGAAATACATACCTGAATTACAGAATCAAGTAGAGGGACTAATTAAGAGAAAGGATGAGA
TCTTATGGGACTTTCTCCACAAGTAGAAGAGTTTATTCCTAAGCAAAGAAATCTCAAAGGAAGAAGCATAGTTACAC
TCTGGTTTTGTAGTTTCAAGTAGTAGGCTCAATGATAGTGAATTAACCATTTCAGATTTTCATGTTTACTGTCCAAA
GATTCACCTTTCTGAGATCTTGATTTGTTTGGAAAATGATGGCCTTTTGTGCTTAATGTTTCTTCATCAAAGACCT
TTGGAGGGAGGCTTCTATAAATTTGCATTTCCAGGTGGATAAAACACAGATATTAGAATCTCATATCTAAATGAG
AAGCTCTTATCAATAATGGAGAAGGAAGGAGAGTTTTTAAACAATAATTAAGTTTAGGATTTGGCTCTTTAA

>SEQIDNO: 37

ATGGTTGCATCTGCCACCTCAGTTCCTCATACTCAAACATGGGATGGCTCTTAGAGGAGTTAGAGCCAGAGTCCTT
AATTAGTCATAAAGAGAAGAACTATGCATCTTTAGAGTACTCGTTACCGTATCATCAATTCTCTTACCAGAAAGAAC
ATGTTGAAATTTGAAAGGCCACCATCCCCTAACTTATGGCCAAGAACTTAACCACAATGCTAGTGAACGTGATCGC
CGAAGAGATTAATAGCTTGATTTCTTCACTTCGTTCACTTCTTCCCGTGAAGATCAAACGAAAAAATGAGCAT
TCCGGTAAACAATTTACAGTGTCTTAAAATACATCCCTGATTTACAAAAGCAGGTGCAAGGACTTACCAAGAAAAAG
AAGAGCTTCTATCAAGAATTTCTCATCGACAAGAATATGCAGTTAACAAGAATCACAAAGGAAGAAAATTTCAAAT
TACAATCTGCTTTTGTAGTTTCAACAAGTAGGCTTAATGATACTGAGCTTGTATTTCATATTTGCTTCTATGAGGC
CAACAAGATTCTCTATCTGAGATCTTGATGTGTTTAGAAAATAATGGTCTTCTTCTACTTAACTTCTTCTTCTA
AAACCTTTGGAGGGAGGCTCTTCTATAACTTGCATTTTCAGGTGGATAAAACTCAAAGATATGAGTGTGATGATCTG
ATTCAAAGCTTTCTCAATATATGAGAAGCAGCAAAATAATCATTTGGGCACTATGGATCAAACGATCAATAGTGG
TCTGATATAT

>SEQIDNO: 38

ATGTTAGCGATATCTCCTCCTATGTTTTCAACAATTGGATGGCCCTTTGAGGAGCCTTTAAGCCATAACCAGCATCA
GAATTCATCTACAAAGACACTGTTGATCAATTATTTAATTTTCATGATCAAGTTGAGGCAGAAATTAATTCAACAG
ATCCCTCACAATCCACAAGCAGTGACCTTAGCATGGTCAAGAAGCTTGTTCATTATGCCAGTGAACGCGATCGCCGC
AAGAAGATCAATAATTTGTATTTCATCACTTCGATCACTCCTCCTGTTTCTGATCAAATGGTACTTAAT

>SEQIDNO: 39

ATGGAGCACCAGCTGTTTCGATGACCCCTTCTCTAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG
CCAGTGCCTCGCCGCGGTGGCCGGACCTCGACCTCGACCTCGACGACGACATCCACGACCTCTCCGCGCCGA
CCGGCAACCCACCTCCTCAGGAGGCTATGGCTCGGGCGGAGGCTCCGGAGGCTCCACAGGAAGCACAGCCACAAC
GCGTACGAGCGCACCAGGAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACGCTGACCA
CACTAAGAAGCTGAGCATCCCCACCAGGCTCCTCCGAGTTCCTCAAGTACATCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACA

ES 2 560 806 T3

ACCTGGAGAGGAGGAAGAAAGAGCTGACGAACGCCAACTGCAAACCAGGAGTTCTGAACACGAGCCAGATTGTAAC
CCCATTGTTTCTGCTACTTGCCTCAACGATACGGAGATCATGGTTCAGGTCAGCCTGCACAGCAACGTGGCTGCCAC
AAGTCTTCCTCTGTCCAAGTGCATAAAAAGTGATGGAGAATGAAGGCCCTCACCTAATTAGTTCATCAACTTACTCCA
CCTTCGACAACAGGACATTCATATAGCCTCCATGTTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAAGAGGAGTGCCCA

>SEQIDNO: 40

ATGGTCAAGAACTTAGCCACAACGCTAATGAACGTGACCGTCGCAAGAAGATTAAAAGTTTGTATTCTTCACTTCG
TTCACCTTCTCCCAGCAGCAGATCAAATGAAGAAATTAAGCGTGCCGGCCACTGTTTTCACGTGCGCTTAAGTACCTAC
CAGAGCTTCAACAGCAAGTGGAGAGACTGGTTCAAAGAAAGGAGGAGCTTTTATCAAAGTTATCAAAGCAAGGTGGT
ATAATTTCATCAAGAAAAACAAGAAATGACACCGTGTATAGCTCTTTATCATCGGTATCGGCAAGCCAGCTTAGTGA
TAGAGAAGTTGTCGTTTCAATTTCCACTTACAAGAACCATAAAAAGTCCATTATCAGAAATCTTGCTCACCTTAGAGG
AAGATGGACTTGTCTAAAAAAGTCTTCTTCTTTGAGTCATTTGGGGACAGGGTCTTCTATAATTTACATCTTCAG
GTCATGGAAGGAACCTTACACATTGGATAGTGAGGCCATGAGGGCGAAGCTTGTGTCTTTATCTGTAAGAGGGGAATC
ATCGTCTCTA

>SEQIDNO: 41

ATGTTAGAAGAATTATCTCCCATCAGTTTGTCTCAACATTTGGATGGCCCTTGGAGGAAGCCATAAGCCATGAACA
GCACCTCAGCTTTAGAGATGGTGAAGTCCAGAGTCAATTTACTCATTCCCTCCATCTCAGCCAGATGTAAGACAGC
TTGATCGCTCCACATCATTCACGGCCCCAGTGGAAAGCGGTGACCCTAGCATGGCTAAGAAGCTTAACCACAACGCT
AGCGAACGTGACCGTCGCAAAAAGATCAACAGTGTGTATCTTCACTCCGTTCACTACTTCTGCAGCCGATCAAAG
GAAGAAATTAAGCATACCGTATACAGTTTACAGTGTGCTTGTATACATACCAAAAACCTCAACAACAAGTGGAGAGAC
TGATTCAAAGGAAGGAGGAGCTTCTATCGAAGTTATCTAGGCAAGCTGACGATTTAACTCATCAAGAAAAACAAGA
AAAGGCACCATGTATAGCTCTTTATCATCGGTATCGGCGAGCCGGCTCAGTGACAGGGAAGTTGTCTATCATATCTC
AACTAAACAAGCTCCATAGAAGTTCATTATCAGAAATCTTGGTTAATTTAGAGGAGGCTGGACTTCTTCTACTAAAT
CTTCTTCTTCGAGTCCCTTTGGAGGCAGAGTCTTCTATAATTTACACCTTCAGGCCATGGAAGGAACCTTACACAGTA
GAGTGGAGGCCCTTGAATGAGAGGCTTGTGTCTTGTGCGAGAAGAGGGAGTCATTGTTCCATTAATTCAGTTTC
TCCATATCTAACTGTGTATTCTAG

>SEQIDNO: 42

GATCCTAACATGGTTAAGAAGCTTAACCACAACGCTAGCGAACGTGATCGTCGCAAGAAGATCAACAGTTTGTATTC
TTCACCTCCGTTCACTTCTTCCAGCTTCCGATGGAATGAAGAAATTAAGCATACCGTCCACAATTTACGTTGTGCTTA
AGTACATACCAGAACCTCAACAGCAAGTGGAGAGACAGATCCAAAGGAAGGAGGAGCTTCTATCAAATCTATCTCGG
CAAGATGATTTAATTCATCAAGAAAAACAAGAAAAGACACCATGTATAGCTCTTTATCATCGGTATCGGCAAGCCG
GCTTGGTGATAGAGAAGTTGTCGTTCAAATTTCCACTTGCAAGGTCCTTAAAAGCCCAATATCAGAAATCTTGCTTA
ATTTAGAGGAAAATGGACTTGTCTAATAAATTTCTTCTCTTTGAGTCCCTTTGGAGGCAACGCTTCTTACCATTTA
CATCTTCAGGTA

>SEQIDNO: 43

ATGTTAGCATTATCTCCTCCTGTATTTCCAACACCTGAATGGCCCTTAGAGGACCCCTTAGGCATTGACCAAATCTC
CTACTTCTGTAGAGAACTCAGCCTGCTACTGCTGCTTTTCTTCCATCTTATCAGCAAGAGTTATTATTATTAGAGC
TTGATCATCAACAATCCACATCTTTCACAGCCTATAATAGCAGTGGTGGTGACGCTAACGATATGGTGAAGAAGCTT
AATCATAATGCAAGCGAACGTGATCGTCGCAAGAAGATGAACACCCCTTATTTCTTCCCTCCGATCACTATTTCCGGC
CGCCGATGAAATGAAGAAGCTGAGTATACCTGCCACAATTTGAGGGTGTGGAAGTACATACCAGAACTACAAGAAC
AGTTAGAGAGATTGGTCCAAAGGAAGGAGAGATTTTGTCTAAGAATATCTAAGCAAAATCATATTGTTAATCCCCAA
ATAAACCAAAAGAAAAGGCACTTCTCACAGCAGTTTATCAGTAGTATCAGCTAATCAAATTAGTGACAAAAGGCCAT
TATTCAAATTTCTACGTACAGTAATACTATCCATACAAGTCCACTATCAGAAATCTTGCTTCTTTTGGAGGAGGAAG
GCCTTCTTTTGAATTAATTTCTTCTTCCGCTGAATCCTTTGGTGGCAGGGTCTTCAACAATTTACATGTTAGGTTGAT
GATACTTATACATTGGAATGTGATGCTTTAAGTGAGAAGCTTGATCTCTGTATGCCAAGAGGGACGGCTGTTCCC
ATGA

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO: 44

ATGGTCAAGAAGCTTAATCATAATGCAAGCGAAAGGGATCGCCGCAAGAAGATGAACACTCTCTATTCTTCCCTCCG
ATCATTCTTCCGGCTCCGATCAAATGAAGAAGCTGAGCATACCTGCCACAATTTCCAGGGTGTGAAGTACATAC
CAGAACTACAACAACAATTGGAGAGATTTCGTCCAAGGAAAGAAGAACTATTACTGAGAATATCTAAGCAGAAATCAT
ATTATTAATCCCCAAATAAACCAAAGAAAAGGCACTACTCACAGCACCTTATCAGTAGTATCAGTAATCAAATTAG
TGACAAAGAAGTTGTTATTCAAGTTTCTACTTACAATAACTATCCATACAAGTCCATTATCAGAAATCTTGCTTC
TTCTGGAGGAGGAAGGCCCTTCTCTGATTAATCTTCCCTCTTTGAGTCCCTTTGGAGGCAGGGTCTTCTACAATTTA
CATCTTCAGGTTGATGGAACCTTATATATTGGAGTGTGATGCTTTAAGCGAGAAGCTTGCAGCTTTATATGAGAGAGA
CGGGTTATTTCCATGA

>SEQIDNO: 45

ACAACGATAATAACTACGCTCAATTTCAAACCTGATCAGAATAACAAGTTGTTGAAGGTTTACGTGCCGATAATAC
TATTGATTTACCTTCATCTCATCTATTAACAACAATGTTTGAAAGGAAGTGAAGTTGATGTTGATGAGTTAGGGG
TAGAAAGGTCATTAATGGAGAAGAAGCTAAATCATAATGCAAGTGAACGTAATAGAAGGAAGAAGATGAATTTCTT
TATTCAACTCTTCGTCTTTGCTTCCTCCTCTACTAATAAACATCAAAGAAAAAATTAAGCTTTCCAGCAACAGT
ATCATATGTACAAGAATACATCCAGAGTTGAAGAAAGAAATAGAGAGGCTAAGCAAAACAAAAGATTTGCTTTTAT
CAAAGAAATCAAATTAATCATTACTCAAATTTGATGATAATAATAAGAGAAAATTAATTTGGTGAAGTCTTGT
AATCTTCAACAACATCAATTTGTGCAAGTCAACTAAGTAATTCACAAGTTTGGTACAAATTTCAACAACCTCAAGA
AAATAATTTTCCAATTTCAAGATTTTGAAGTGTAGAGGAAGATGGATTAATTTTGTAAATGCATCATCTTTA
AATCTTTGGAGACAAGATTTTTCACAGCTTGCATTTTTCAGATGCAAGGACCAATGAAATGGACATTCAGGTTTTG
AAGACTAAGCTTTTAGTAATGTGT

>SEQIDNO: 46

ATGGACCATCAGCTGTTCGACGACCCCTTCGGGAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG
CGGCGGACAGCTGCCGTCGCCGCGTGGCCGGACCTCGACCTCGACGACGACTACGACATACACGACCTCTCCGCGC
CGGCCGCAACGCCGCCACCTCTCGGGAGGAGGCTATGGCTCCGGCGGCTCCGGCAGGAAGCTCAGCCACAACGCA
TACGAGCGCAGCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGATCCCTCCTCCCGACGCTGATCACAC
TAAGAAGCTGAGCATCCCCACCACCGTGTCCCGAGTTCTCAACACCAAGAGATCGTAACTCCCATTTGTTCTGCTA
CTTGCCTTAACGACACGGAGATCATGGTTTCAGGTCAGCTGCACAGCAATGTGGCCGCCACAGCTCTCCCTCTCTCC
AAGTGCATAAAGGTGCTAGAAAACGAAGGCCCTCTCCTCGTCAGCTCATCAACCTACTCCACCTTCGAGAACAAGAC
ATTCTATAGCCTCCATCTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAGGAGCAGTGCCAGGATTCTGCAGCAACTGGAGA
AGATCGTCAGGAAGAAAGCAGGGGCG

>SEQIDNO: 47

ATGGAGCATCAACTATTCGACGACGCCGTCCCGAGCAGCATGATCTGGCCGTTAGAGGCAGAAAACGGTTTCACCGA
CGAGCTGCCGTCTTTGAGTTACCGGACGTGGACCTTGACTTCGACATCCACGAGTTCTCCGCACCGGCAACGGCAC
CGCGAAAGCGGCCCTCCTCGGGTGGCTCCGGATTGGTTGGTTCCGGTTCAGGATCGCATAAGAAGCTCAACCACAAC
GCGTACGAGCGCACCAGGCGGACGAGCTCAATCAGCTCTACTCGACTCTCCGTTCTCTCATCCCCAACGCGAGATCA
CACAAGAAGCTGAGCATTCCGACGACGGTGTGTGAGTCTCGACTACATACCCAAAGCTGCAGAAGCAGGTCGAGG
ATCTCAAGAAGAAGAAACAGGAGCTCAGTACAGCCAAATGCAGAGAAAGACTGCAGCGCGTCAAGGACAACACATGC
CGTATTGTTTCTGCCACTCTCTCGATGGCAACGAAATCATGGTCCAGGTTAGCCTGCTGAGCAACATGGCTGCAAG
TCTTCTCTATCCAAGTGCATAAACGATTTGAGAACAAGGGCTTCACCTCATCAGTTTCATCGACTTTCTCCACCG
AGGTCAATAGAACATTTTACAGCTTCCACTTTGAGGTACGTTTTTACATGCGCCCT

>SEQIDNO: 48

GGCGATGGCTCGGGCTCCCATCGCAAGATCAGCCACAACGCCCTACGAGCGGACCGCCGCAAGCAGCTCAACGAGCT
CTACTCCGACCTCCGCTCCCTCCTCCCCGACACCGATCACACGAAGAAGCTTAGCATTCGGATCAGGTTGTCGCGGG
TGCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGTGGGCTTGNAGAAAANAAGAAGGAGGAGNTGACGCGCGCCAACTG
CAACCCGGNGTGNAGACCATGAAGGGGAACACGGTCCGATTTGTTCCGCCACCTGCCCTCGACGACAGGGANATTATGG
TCCAAGTCAACCTGGTGAACATGGCCGGANTNTGCCATTTCAAATGCATCAAAGTGTGAAAACAANNNGCTCC
GGTCA

>SEQIDNO: 49

ATGGAGCAGCTGTTTCGTCGACGACCCAGCCTTCGCGAGCAGCATGTCGTCGCTTGAGGCGGACATCTTCTCCGCGC
CGGCCAGCTGCCGTCTCGCCGTGGCTGGACCTAGACCTCGACGACGATGTCCAAGACCTCTCCATGGCGCCGACGA
CGGCGAACCGGTGTCTCCGGCTACGGCTCCGGCGGATCCGGCTCCACAGGAAGCTCAGCCACAACGCCTACGAG
CGGACCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCTCCCTCCGCGCTCTCCTCCCCGACGCGGATCACACTAAGAA
GCTGAGCATCCCGACGACGGTGTCTCGCGTGTCTCAAATACATACCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGAGAATCTGGAGA
GGAAGAAGAAGGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGCCAACCAAGAGTGTGGGGAGCCAGCTGATGAGC

>SEQIDNO: 50

ATGGTCGCATTGTTCTCTCTCTCTCTCTCTCAACCAAAGGGTGGCTCTTAGAGGAGGAGCCATTGGGCTATAATAA
TACCCATAATCTCTCTTACAAAGATGATGCGTCTTCTCAGTACTCCTTTCCCTATCAATTTTATTACCCACAGACAC
AGATTGAGGTTGAAATTGAAAGGTCCTACTGCACCATCTCTGACCTGCCATGGTCAAGAACTTAGCCACAATGCT
AGCGAACGTGATCGCCGCAAGAAGGTCAACAACCTGGTTCCTTCACTTCGCTCACTTCTTCCAATGGCAGATCAAAC
GAAAAAATGAGCATTCTGCAACAGTTTCCAGAGTGTGAAATACATACCTGAACTACAACAGCAAGTGCAGCAC
TAACAAAGAGAAAAGAGGAGCTTCTGTGCAGAAATTTCTCGGCAATTGCAAGGAGAAGCAGTGAACAAAGAATCTCAG
AGAAAAATTTCCCATCACAACTCTCTTTTGTGTCTCAACGACTAGGCTTAACGATTGTGAAGCTGTAGTTCCACAT
TTCATCTCATGAGACACACAAGGCTCCACTATCAGAGATCTGCAGTGCCTAGAAAATGATGGCCTTTTCTGCTAC
ATGCTTCTCTCAGAAACCTTTGGAGGAAGGTTCTTCAAAATTTGCATTTTACGTTGGAGAAAATGATAGATTA
GAGACCGAGATTTTAACTGAGAAGCTTTTACCAATATA

>SEQIDNO: 51

ATGTTAGCATTCTCCCTCCATTGTTTCCAACCCTTGATGGCCCTTGAGGATCCCATAAGCCATGCACAGAACTA
CATATATGGAGAAAACAGAACTTCAGAATCGTTTCTTCACTTGCCCTCATCTCAGCCACAAGTGGAACTCAATTGCT
CCACCCCATATGCAGCAGTTAGTGGTAATCCACGATGGTTAAGAACTTAACCACAACGTAGTGTGCGGGATCGT
CGGAAGAAGATCAACAGCTTGTACTCTCTGCGTCACTACTTCCATCAGCTGATCAAGTGAAGAAATTAAGCAT
TCCTTCGACAGTTTCATGTGTGCTAAAATACATACCAGAGCTGCAACGGCAAGTGGAGAGACTGATCCAAAAGAAAG
AAGAGTTTTATCAAAGATTTCTAGGGAAGGAGATCTAATTCACCTAGAAAATCAAAGAAATGGCACACTTGGAAAGC
TCTTTATCTGCTGTTTCAGCAAGAAGGCTTAGTGACAGGGAAATTTGGTTTCAGATATCCACATTTAAGGTCCATGA
GAGTCCACTTTCTGAGGTTTTGTTAAATTTGGAGGAGGATGGGCTTCTTGTAAATCAATGCATCATCTTTTGTAGTCT
TTGGAGGGAGGGTCTTCTACAACCTTACATCTCAGTTGAAGGAACCAAGGAATGGAGTCGACCGCCACTTGGAG
ATGACAAGAACCTTAAAAAACAACACATGAATATATGGTGATTATGACTTTCCTCTTTTTTTTCTTAAAGAT
GTTCTGATCTTTACAAGAGTATTTACCAATCATATATCAACTTCTTACCAATGCTATGTTGGTAAATTAATTAATCA
TTCTACTGCTACATGTAATTAAGAAAGAAAATTTTGAACCTTCTAAACATCAATTTGGCCAGCGCCGAACCAATAAT
GTAGCAGGTCAAGCTGCCAAAAAATTTGGATGATGAGCTTCTTGGAAACCAAGATGAAAATGAAGGGATGGGAGT
ACTGGAAACACCAATATTGATTAAGCAAGAAATGGTACCAAGAAATGGTGGAGAGAATCCTTGATCTTTACCCCA
TGGCAATTCATGACATAGACTCCAACAAGAAGAATATAGTGCTATTGGCGGTGGAGAATAGGCACCCCATGTGTAT
GAGCTCTTCTGAAGAGAAATATTGTGAAAGATAGTGTATTTGGTGCAGTTGATAATAAAGGCAACAGTGCATTGCA
TCTGGCTGCCATGTTTGCAGATTATCGGCCTTGGGTCACCTGGTGTGCATTGCAATGCAATGGGAAGTCAAAT
GGTATGAGTATGTGAAGAAGTCCATGCCACCAATTTCTTCCGTTTCCACAACAATGAAAACAAGTCTACAAAGCAG
ATTTTACCCCGTGAACACAGAGATCTGGTGCAAAAGGGTGGGCAATGGCTAAATAACACAGCCACCTCATGCTCGTT
GGTAGTAACACTCATTGCAACAGTTGCCTTCGCCACATCAACTGCTGTACCGGGCGGCACCAAGGAGGGGACTGATT
CATGCTCTCTCAATGGTCCCTAA

>SEQIDNO: 52

ATGTTAGCATTCTCCCTCCATTGTTTCCAACCCTTGATGGCCCTTGAGGATCCCATAAGCCATGCACAGAACTA
CATATATGGAGAAAACAGAACTTCAGAATCGTTTCTTCACTTGCTCTCATCTCAGCCACAAGTGGAACTCAATTGCT
CCACCCCATCTGCAGCAGTTAGTGGTAATCCACGATGGTTAAGAACTTAACCACAACGCCAGTGCAGCGGGATCGT
CGGAAGAAGATCAACAGCTTGTACTCTATGCGTCACTACTTCCATCAGCTGATCAAGNAAAGAAATTAAGCAT
TCCTTCGACAGTTTCACGTGTGCTAAAATACATACCAGAACTGCAACGACAAGTGGAGAGATTGATTCAAAGAAAG
AAGAGTTTTATCAAAGATTTGTAGGGAAGGAGATCCAATTCACCTAGAAAATCAAAGAAATGGCACACTTGGAAAGC
TCTTTATCTGCTGTTTCAGCAAGAAGGCTTAGTGACAGGGAAATTTGGTTTCAGATATCCACATTTAATGTCCATGA
GAGTCTCTTTCTGAGGTTTTGTTAAATTTGGAGGAGGATGGGCTTCTTGTAAATCAATGCATCATCTTTTGTAGTCT

ES 2 560 806 T3

TTGGAGGGAGGGTCTTCTACAACCTACATCTTCAGGTTGAAGGAACCTCAAGGAATGGAGTGTGAGTTGTTGAGCGAG
AAGCTACTTTTCATTGTGTGAAAGGAGAGAGGCTTTTCCATGA

>SEQIDNO: 53

MCALVPSFFTNFGW PSTNQYESYYGAGDNLNNGTFLELTVPQTYEVTHHQNSLGVSVSSEGNEIDNNPVVKKLNHN
ASERDRRKKINTLFSSLRSLPASDQSKKLSIPETVSKSLKYIPELQQQVKRLIQKKEELVLRVSGQDFELYDKQQ
PKAVASYLSTVSATRLGDNEVMVQVSSSKIHNFSISNVLGGIEEDGFVLVDVSSSRSQGERLFYTLHLQVENMDDYK
INCEELSERMLYLYEKCENSFN

>SEQIDNO: 54

MCALVPPLFPNFGW PSTGEYESNYLAGVNLEDFTFLDFPAPETYGVEHHQEIQEMLVSVSPSENGVVTKKLNHNAS
ERDRRKKINSLFSSLRSLPASDQTKKLSIPQTVSRSLKYIPELQEQVKKLIQKKEELVLRVSGQRAIEHYVEPQPK
AVARYVSTISATKLGNEVLVQISSSKNHNFSISNVLSGLEEDGFVLVDVSSSRYPHGKWLFLYSLHLQMGNKDNHKLK
CEELSQRILYLYEECENSFR

>SEQIDNO: 55

MCALVPPLFPDFGWPSTAGYESYYLGGENLNNDMFLDFPVVETYGVLAAHQNSLGVSVSSEGNGIDNNPVVKKLNHN
NASERDRRKKINSLFASLRSLPSTSDQSKKLSISATVSRSLKYIPELQEQVKKLLQKKEELVLRVSGQRDIELYVKP
QPKAIASYVSTVSATRLGDNEVMVQISSSKIHNFSISKVLTGLEEDGFVLVDVSSSRFQGERLFYTLHLQVENMDDH
YKMNCEELSERMLYLYEECENXXR

>SEQIDNO: 56

IPQTVSRSLKYIPELQEQVKKLIQKKEELVLRVSGQRDIEHYVEPHKAVARYVSTISATKLGNEVMVQISSSKNH
NFSISNVLSGLEEDGFVLVDVSSSRSHGERLFYTLHLQMGNKDDYKLTCEELRQRMLYLYEECGNSFR

>SEQIDNO: 57

IPTPSQATSSDLSMVKKLIRNASERDRRKKINTLYSSLRSLLPVAEQMKKLSNPATISRVLYIRELQKQVEGLLTR
KEAILLKLSPDEVKSKESERK

>SEQIDNO: 58

SDRRKQLNEQYSSLRSLLPDDDHKKMSIPTTVSRVIKYIPELQKEVDGLEKKKEELRRASSEQGVLTMRQNTAPVV
SATCLDDREIMVQVSLVSTMAAALPMSKCIKVLNEGLRLINSSTSAFQNRFTFYSLHLQRTQRTMSKEGQTFCNELE
NAVQKAGLHLHH

>SEQIDNO: 59

MGHQTMFDDPFASSMSSLDADIFSVAGGLHPSQWPGLDHDVSLAPAANNGTSSGGYGSPGGGDGSGSHRKISHNAY
ERDRRQQLNELYSDLRSLLPDS DHTKKLSIPITVSRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRASCCKPGVLTMKENTVPI
VSATCLDEREIMVQVSLVSTMAGALPMSKRIKVLNEGLRLISSSTSAFQNRFTFYSLHLQRTQRTMSKECPAFCEEL
ENALTQKAGYVYITSRLYVAE

>SEQIDNO: 60

MLAISPPMFSTIGWPFEEPLSHNQHSFYKDTVDFNFHDQVEAEINSTDPSQSTSSDLSMVKKLVHNASERDRR
KKINNLVSSLRSLLPVSDQMKLSIPGTISRVLKYIPELQNVQVEGLIKRKDEILLGLSPQVEEFILSKESQRKKHSYN
SGFVSSSRRLNDSEITIQISCYTVQKIPLSEILICLENGLLLLVSSSKTFGGRVFNLFHQVDKTI LESHILNE
KLSIMEKEGEFLKQ

>SEQIDNO:61

MVAFCPPQFSYSNMGWLEELPEPESLISHKEKNYASLEYSLPYHQFSSPKEHVEIERPPSPKLMMAKLNHNASERDR
RKKINSLISSLRSLLPGEDQTKKMSIPVTISRVLKYIPDLQKQVQGLTKKKEELLSRISHRQEYAVNKESQRKKIPN
YNSAFVVSSTRLNDELVIHISSYEANKIPLSEILMCLENNGLLLNSSSSKTFGGRLFYNLHFQVDKTRQYECDDL
IQKLSSIIYEKQNNHLGTMQDQTINSGLIY

>SEQIDNO:62

MLAISPPMFSTIGWPFEEPLSHNQHNSFYKDTVDQLFNFHDQVEAEINSTDPSQSTSSDLSMVKKLVHYASERDRR
KKINNLSSLRSLLPVSDQMVLN

>SEQIDNO:63

MEQLFVDDPAFASSMSSLEADIFSGAGQLPSSPWLDDLDDDDVQDLSMAPTTANAVSSGYSGSGSGSHRKLSHNAYE
RDRRKLNELYSSLRALLPADADHTKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVENLERKKKELTTTSTTNCKPGVLGSQLMSEG
MAPIVSATCINDMEIMVQVSLSNVAGSVLPLSKCIKVLNENGLHFISSTSSGFGNRTFYSIHLQRSEGTINEECP
AFCERLEKVVNRKAKL

>SEQIDNO:64

MEHQLFDDPFSSSISSLEADIFSGAGQLPSSPWPDLDDLDDDDDIHDLAPTGNPTSSGGYSGGGSGGSHRKHSHN
AYERDRRKLNELYSSLRSLLPADADHTKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLNTSQIVT
PIVSATCLNDEIMVQVSLSNVAATSLPLSKCIKVMENEGHLISSSTYSTFDNRTFYSLHVQRSQRTMKEECPA

>SEQIDNO:65

MVKKLSHNANERDRRKKIKSLYSSLRSLLPAAQMKKLSVPATVSRALKYIPELQQQVERLVQRKEELLSKLSKQGG
IIHQENQRNDTVYSSLSVVSASQLSDREVVVHISTYKNHKSPLSEILLTLEEDGLVLKNSSSFESFGDRVFYNLHLQ
VMEGTYTLDSEAMRAKLVSLSVKRESSL

>SEQIDNO:66

MLEELSPISLSTFGWPLEEAI SHEQHYSFRDGETPESFTHFPPSQPDVRQLDRSTSFTHAGSGDPSMAKLNHNA
SERDRRKKINSLYSSLRSLLPAAQQRKLSIPYTVSRVLVYI PKLQQQVERLIQRKEELLSKLSRQADDLTHQENQR
KGTMYSSLSVVSASRLSDREVVIHISTNKLHRSSLSEILVNLEEAGLLLNSSSFESFGGRVFNHLQAMEGTYTV
ECEALNERLVSLCEKRESLFP LNSSSPYSNCVF

>SEQIDNO:67

DPNMVKKLNHNASERDRRKKINSLYSSLRSLLPASDGMKKLSIPSTISRVLKYIPELQQQVERQIQRKEELLSNLSR
QDDLIIHQENQRKDTMYSSLSVVSASRLGDREVVVQISTCKVLKSPISEILLNLEENGLVLINSSSFESFGGNVIFYHL
HLQV

>SEQIDNO:68

MLALSPPVFPTPEWPLEDPLGIDQISYFCRETQPATAAFPSYQQEELLELDHQOSTSFTAYNSSGGDANDMVKKL
NHNASERDRRKKMNTLYSSLRSLFPAADEMKKLSIPATISRVLKYIPELQEQRLVQRKEEILLRISKQNHVNPQ
INQRKGTSHSSLSVVSANQISDKEAIIQISTYSNTIHTSPLSEILLLEEEGLLNSSSAESFGGRVFNHLHVQVD
DTYTLCDALSEKLAALYAKRDGLFP

>SEQIDNO:69

MVKKLNHNASERDRRKKMNTLYSSLRSLLPASDGMKKLSIPATISRVLKYIPELQQQLERFVQRKEELLRISKQNH
IINPQINQRKGTTHSTLSVVSANQISDKEVVIQVSTYNNTIHTSPLSEILLLEEEGLLNSSSFESFGGRVFNHL
HLQVDGTYIILECDALSEKLAALYERDGLFP

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO:70

TTIITTPQFQTDQNNKLFEGLRADNTIDLPSHHYQQQCLKGSEFDVDELGVERSMEKKLNHNASERNRRKKMNF
YSTLRSLLPPTNKHQKKLSFPATVSYVQEYIPELKKEIERLSKTKDLLLLSKSNYSLLKIDDNNKRKLIIGGTSC
NSSTTSICASQLSNSQVLVQISTTQENNFPISQVFASVEEDGLILLNASSFKSFGDKIFHSLHFQMQGPIEMDIQVL
KTKLLVMC

>SEQIDNO:71

MDHQLFDDPFGSSISSLEADIFSAGGGQLPSPWPDLDDDDYDIHDL SAPAANAATSSGGGYGSGGSGRKL SHNA
YERDRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLTKEIVTPIVSATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATALPLS
KCIVLENEGLLLVSSSTYSTFENKTFYSLHLQRSQRTMKEQCPCGFCDELEKIVRKKAGA

>SEQIDNO:72

MEHQLFDDAVPSSMIWPLEAENGFTDELPSLQLPDVLDLDFDIHEFSAPATAPAKAASSGGGSLVSGSGSHKKLNHN
AYERDRRTQLNQLYSTLRS LIPNADHTKKLSIPTTVQCQLDYIPK LQKQVEDLKKKQELSTAKCRERLQRVKDNTC
RIVSATPLDGNEMVQVSLLSNMAASLPLSKCINV FENKGLHLISSSTFSTEVNRTFYSFHFVRFYMRP

>SEQIDNO:73

GDGSGSHRKISHNAYERDRRKQLNELYSDLRSLLPDTHTKKLSIPTVSRVLKYIPELQKQWAXRXKEGGXDARQL
QPGVXTMKGNTVRLFRHLPRRQGXYPSPGHEMAGXCPFQMHQSAGKQXLS

>SEQIDNO:74

MEQLFVDDPAFASSMSSLEADIFSGAGQLPSSPWLDDLDLDDVQDLSMAPTTANAVSSGYGSGGSGSHRKL SHNAYE
RDRRKQLNELYSSLRALLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVENLERKKKELTTTSTTNCQPRVLGSQ LMS

>SEQIDNO:75

MVALFSPPLFSTKGWLLEEEPFYNNTHNLSYKDDASSQYSFPYQFYSPTQIEVEIERSTAPSSDPAMVKKL SHNA
SERDRRKVNVLVSSLRSLPMADQTKKMSIPATVSRVLKYIPELQQVQALTKRKEELLCRISRQLQGEAVNKESQ
RKISHHNSFVVTFRRLNDCEAVVHISSEHETHKAPLSEILOCLENDGLFLLHASSSETFGGRFFYNLHFHVEKTDRL
ETEILTEKLLPIY

>SEQIDNO:76

MLAFSPPLFSTFGWPWEDPXSHEQNYIYQETEASESFLHLPSSPQAE LNYSTPSAAVSGNPTMVKKLNHNASERDR
RKKINSLYSSLRSLPADQAKKLSIPSTVSRVLKYIPELQKQVERLIQKKEELLSKISRQGDIIHQEKQRKATLAS
SLSAVSANRLSDREIVVQISTFKVHESPLSEVLLNLEEDGLLVINASSFESFGGRVFYNLHLQVEGTQGMESTAHLE
KLLSLCEKRRDAFP

>SEQIDNO:77

MLAFSPPLFPPTLGWPLEDPI SHAQNYIYGETETSESFLHLPSSQPQVELNCSTPYAAVSGNPTMVKKLNHNVSVRDR
RKKINSLYSSLRSLPADQVKKLSIPSTVSCVLKYIPELQKQVERLIQKKEEFLSKISREGDLIHLENQRNGTLGS
SLSAVSARRLSREIVVQISTFKVHESPLSEVLLNLEEDGLLVINASSFESFGGRVFYNLHLQVEGTQGMESTAHLE
MTRTLKNKHMNILVIHMDFPFFLKMFLIFTRVFTNHI STSYQCYVGKLI IILLHVIKKENFETS KHQLASAEPII
VAGQAAKLDDELLETKMKTEGMGVLETPILIKAKNGTKEMVERILDLYPMAIHDI DSNKKNIVLLAVENRHPHVV
ELFLKRNIVKDSVFGAVDNKGNALHLAAMFADYR PWTGVALQMQWEVKWY EYVKKSMPPNFFRPHNNENKSTKQ
IFTREHRDLVQKGGQWLNNATATSCSLVVTLIATVAFATSTAVPGGTKEGTDSCPLNGP

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO: 78

MLAFSPPLFPPTLGLWPLEDPI SHAQNYIYGETETSESFLHLSSSQPVELNCSTPSAAVSGNPTMVKKLNHNASERDR
RKKINSLYSSMRSLPSADQXKKLSI PSTVSRVLKYI PELQRQVERLIQKKEEFLSKICREGDPIHLENQRNGTLGS
SLSAVSARRLSRDREIVVQISTFNVHESPLSEVLLNLEEDGLLVINASSFESFGGRVVFYNLHLQVEGTQGMCELLSE
KLLSLCERREAFP

>SEQIDNO: 79

ATGGAGTATCCATGGCTGCAGTCTCAAGTTCATTCCCTTTTCACCTACTCTCCATTTTCCTTCCCTTCATCCTTT
AGATGATTCCAAGAGCCATAACATCAATCTTCATCATATGAGTCTTAGTCACAGCAATAATACTAACAGTAACAATA
ACAATTATCAAGAAGAAGATCGAGGAGCGGTGGTTTTGGAGAAGAACTGAATCACAAACGCAAGCGAACGAGACCGC
CGTAGAAAACCTAACGCCTTGTACTCTTCACTTCGTGCTCTCTTGCCCTTTCTGATCAAAAAGAGGAAGCTGAGCAT
TCCTATGACGGTAGCGAGAGTAGTGAATACATACCAGAGCAGAAGCAAGAAGCTTCAACGTTTGTCTCGGAGAAAAG
AAGAGCTCTTGAAGAGGATCTCGAGAAAACCTCACCAAGAGCAGCTGAGAAAACAAGCAATGATGGACTCAATAGAT
TCTTCTTCCCTCTCAACGGATCGCAGCAAATTGGCTCACTGACACAGAGATTGCTGTCCAGATTGCTACGTCGAAATG
GACATCTGTTTACAGACATGTTGCTTAGGTTAGAAGAAAACGGGCTTAATGTCATAAGCGTCTCTTCTCCGTTTCTT
CCACCGCAAGGATCTTCTACACTCTACATCTTCAGATGAGAGGAGATTGCAAAGTGAGACTGGAGGAAGCTCATCAAT
GGTATGCTCTTGGGATTACGCCAATCATAA

>SEQIDNO: 80

ATGTGTGCCTTAACACCAATGTTTCCAAGTAACCAACAAGAATGGTACTCTACTTCAACAATGGAGTATCCATGGCT
TGATTCCCTTCTCCTACTCTCCCTTCTTCTTTTATCCTTCTTTTCGACCAACTAGATGAATTCAAGAGCTATAACA
TCAATCTTCTTCTCATCATATGAATCTTGCTGACATAAATGGTACTAACAATGATCAAGAAGAACATCAAGGATCG
GTTTTGGAAAAGAACTGAATCACAAACGCAAGTGAACGCGACCGCGTAGAAAAGCTAAACGCCTTATACGCTTCACT
TCGTGCTCTTTCCTCTTCTGATCAAAAAGAGAAAGTTGAGCATTCCAAAAGACCATAGCGGGAGTGGTGAAGTATA
TACCAGAGCAGAAGCAAGAAGCTTCAACGTTTGTCTAGGAGGAAAGAAGAGCTTATGAAGAGAATCTCCAATAAGACA
GAGACTTTGAATCATCAACAAGAACAGCTGAGAAAATAGAGCATTAAATGATGGAGTCAATAGATTCTTCTTCAAAAA
GATCGCT

>SEQIDNO: 81

ATGGAGTATCCATGGCTTGATTCCCTTCTCCTACTCTCCCTTCTTCTTTTATCCTTCTTTTCGACCAACTAGATGA
ATTCAAGAACTATAACATCAATCTTCTTCTCATCATATGAATCTTGCCGACATAAATGGTACTAACAATACCAGTA
ACAATGATCAAGAAGAACATCAAGGATCGGTTTTGGAAAAGAACTGAATCACAAACGCAAGTGAACGCGACCGCGT
AGAAAAGCTAAACGCCTTATACGCTTCACTTCGTGCTCTCTTGCCCTCTTCTGATCAAAAAGTCCGGCGAATCAGAGAAA
GTTGAGCATTCCAAAGACCGTAGCGGGAGTGGTGAAGTATATACCAGAGCAGAAGCAAGAAGCTTCAACGTTTGTATA
GGAGGAAAGAAGAGCTTATGAAGAGGATCTCCAATAAGATAGAGACTTGAATCATCAACAAGAACAGCTGAGAAAAT
AGAGCATTAATGATGGAGTCAATAGATTCTTCTTCCAAAAGATCGCTGCAAATTTGGATCACCACACAGAAAATAGC
TGTCCAGATTGCTACATGGAAATGGACATCTATCTCAGACATGTTGCTTAGGTTAGAAGAAAACGGGCTTAATGTCA
TAAGCGTCTTCTTCCGGTTTCTTCCACCGCAAGGATCTTCTACACACTGCATCTTCAGATG

>SEQIDNO: 82

GCTTTCTCTTTCAGCTCGATCGATCCACAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCCCTCCGCGCTCTCCTCCCGACGCCGA
TCACACTAAGAAGCTGAGCATCCCGACGACGGTGTCTCGCGTGCTCAAGTACATACCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGG
AGAATCTGGAGAGGAAGAAGAAGGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGCAAACCAGGAGTGTGGGGAGCCAG
CTGATGAGCGAGGGCATGGCTCCCATCGTT

>SEQIDNO: 83

ATGGAGCAGCTGTTCTGTCGACGACCCAGCCTTCGCGAGCAGCATGTCTGCTGCTTGGAGCGGACATCTTCTCCGGCGC
CGGCCAGCTGCCGTCTCGCCGTGGCTGGACCTAGACCTCGACGACGATGTCCAAGACCTCTCCATGGCGCCGACGA
CGGCGAACCGGTGTCTCCGGCTACGGCTTCGGCGGATCCGGCTCCACAGGAAGCTCAGCCACAACGCCTACGAG
CGCGACCGCGGAAGCAGCTCAACGAGCTTACTCTCCCTCCGCGCTCTCCTCCCGACGCGGATCACACTAAGAA
ACTGAGCATTTCGACGAACGTGCTTCTGCGTGGTTGATACATAACCGAACCTGCAGAAAACAAGTGGAGAATATGGAG
AAGAAAAAAAAGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGTCAACCCCAAGATGTGGGTAGAAGC

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO: 84

MEYPWLQSQVHSFSP TLLHFP SFLHPLD DSKSHNINLH HMSLSHSNNTNSN NNNYQ EEDRGA VVLEK KLNHNASERDR
RRKLNALYSSLRALLPLSDQKRKLSI PMTVARVVKYI PEQKQELQRLSRRKEELLKRI SRKTHQEQLRNKAMMDSID
SSSSQRI AANWLTDEI AVQIATSKWTSVSDMLLRLEENGLNVI SVSSSVSSTARIF YTLHLQMRGDCKVRLEELIN
GMLLGLRQS

>SEQIDNO: 85

MCALTPMFP SNQQEWYSTSTMEYPWLDSFSP TLPSSLYPSFDQLDEFKSYNINLLPHHMLNADINGTNN DQEEHQGS
VLEK KLNHNASERDRRRKLNALYASLRALLPPSDQKRKLSI PKTIAGVVKYI PEQKQELQRLSRRKEELMKRISNKT
ETLNHQQEQLRN RALMMESIDSSSQKIA

>SEQIDNO: 86

MEYPWLDSFSP TLPSSLYPSFDQLDEFKYNININLLPHHMLNADINGTNN TSNNDQEEHQGSVLEK KLNHNASERDRR
RKLNALYASLRALLPPSDQKSANQRKLSI PKTVAGVVKYI PEQKQELQRLYRRKEELMKRISNKIETLNHQQEQLRN
RALMMESIDSSSQKIAANWITNTEI AVQIATWKWTSISDMLLRLEENGLNVI SVSSSVSSTARIF YTLHLQ M

>SEQIDNO: 87

AFSFSIDPQLNELYSSLRALLPDADHTKKLSI PTTVSRVLKYI PELQKQVENLERKKKELTTTSTTNCKPGVLGSQ
LMSEGMAPIV

>SEQIDNO: 88

MEQLFVDDPAFASSMSSLEADIFSGAGQLPSSPWL DLDLDDDVQDLSMAPTTANAVSSGYGFGSGSHRKL SHNAYE
RDRRQKLNELYSSLRALLPDADHTKKLSI STNVSCVVQYI TEPAETSGEYGEKKELTTTSTTNCPQDVGRS

>SEQIDNO: 89

ATGTGTGCACTTGTCCCTCCATTATATCCCAATTTTCGGCTGGCCTTGCGGAGATCATAGCTTCTATGAAACCGACGA
CGTATCCAACACGTTTCTTGATTTTCCGTTGCCGGACTTGACGGTGACTCATGAGAATGTGTCTGCTGAGAATAACA
GAACATTACTAGACAATCCCGTGGTGATGAAGAAGCTTAATCACAACGCGAGTGAACGTGAGCGTCGCAAGAAGATC
AACACAATGTTCATCTCTTCGTTCTTGCTTCTCCACCAATCAAACGAAGTTAAGTGTTCGGCAACAGTTTC
ACAAGCATTGAAGTACATACCAGAGCTGCAAGAGCAAGTTAAAAAGCTCATGAAGAAGAAAGAGCTCTCGTTTC
AAATTTTCGGGTCAAAGAGATCTCGTTTACACCGACCAAAACAGTAAGTCAGAGGAAGGGGTACAAAGCTATGCGTCG
ACAGTTTCTTCGACTAGGCTCAGTGAGACTGAAGTGATGGTCCAAATTCATCGTTACAGACTGAAAAATGTTCTGTT
TGGGAATGTCTTGAGTGGTGTAAGAAGATGGGTTGGTTCTTGTGGGTGCTTCATCTTCAAGGTCTCATGGAGAGC
GACTCTTTACTCTATGCATCTTCAGATAAAAAATGGCCAGGTGAATCCGAAGAATTAGGTGATAGATTGTTGTAC
TTGTACGAGAAATGTGGACACTCGTTTACATGA

>SEQIDNO: 90

ATGTGTGCACTTGTCCCTCCATTATATCCCAATTTTCGGCTGGCCTTGCGGAGATCATAGCTTCTATGAAACCGACGA
CGTATCCAACACGTTTCTTGATTTTCCGTTGCCGGACTTGACGGTGACTCATGAGAATGTGTCTGCTGAGAATAACA
GAACATTACTAGACAATCCCGTGGTGATGAAGAAGCTTAATCACAACGCGAGTGAACGTGAGCGTCGCAAGAAGATC
AACACAATGTTCATCTCTTCGTTCTTGCTTCTCCACCAATCAAACGAAGAAGTTAAGTGTTCGGCAACAGT
TTCACAAGCATTGAAGTACATACCAGAGCTGCAAGAGCAAGTTAAAAAGCTCATGAAGAAGAAAGAGCTCTCGT
TTCAAATTTTCGGGTCAAAGAGATCTCGTTTACACCGACCAAAACAGTAAGTCAGAGGAAGGGGTACAAAGCTATGCG
TCGACAGTTTCTTCGACTAGGCTCAGTGAGACTGAAGTGATGGTCCAAATTCATCGTTACAGACTGAAAAATGTTT
GTTTGGGAATGTCTTGAGTGGTGTAAGAAGATGGGTTGGTTCTTGTGGGTGCTTCATCTTCAAGGTCTCATGGAG
AGCGACTCTTTACTCTATGCATCTTCAGATAAAAAATGGCCAGGTGAATCCGAAGAATTAGGTGATAGATTGTTG
TACTTGTACGAGAAATGTGGACACTCGTTTACATGA

>SEQIDNO: 91

CCACGTCGCTGCGCGGCCGACTCCTTCTACGTCGGCTCCCGATCCCGGTGGTGTCCGCGGCGAGGAGCTGATGG
CGGGGCGAACCTCATCCACAACGCCTACGAGCGGACCGCCGGAAGCAGCGCAACGAGCTCTACTCCTCCCTCCGCG
CTCTCCTCCCGACGCGGATCACACTAAGAAGCTGAGCATCCCGACGACGGTGTCTCGCGTGTCAAGTACATAACC
GAGCTGCAGAAGCAGGTGGAGAATCTGGAGAGGAAGAAGAAGGAGCTGACGACGACGAGCACCACCAACTGCAAACC
AGGAGTGTGGGGAGCCAGCTGATGAGCGAGGGCATGGCTCCCATCGTTTCGGCTACCTGCATCAATGACATGGAGA
TCATGGTTCAGGTGAGCTTGTGAGCAATGTGGCGGGTTCAGTTCTTCTCTCTCCAAGTGTATCAAAGTACTGGAG
AACGAAGGTCTTCACTTCATCAGTTTCATCGACTTCTCCGGATTTGGGAACAGGACATTTACAGTATCCATCTTCA

GAGAAGTGAAGGAACGATCAACGAGGAGTGTCCAGCATTGTTGTGAAAGGTTGGAGAAAGTCGTCAGGAACAAAGCAA
AGCTT

>SEQIDNO: 92

ATGGAGCACCAGTGTTCGATGACCCCTTCTCTAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG
CCAGCTGCCGTCGCCGCGCTGGCCGGACCTCGACCTCGACCTCGACGACGACGACGGCATCCACGACCTTCCGCCGC
CGGCCGGCAACCCACCTCTTCAGGAGGCTATGGCTCGGGCGGAGGCTCCACAGGAAGATCAGCCACAACCGGTAC
GAGCGTGACCGCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCGACGCTGACCACACTAA
GAAGCTGAGCATCCCCACCACGGTCTCCCGAGTTCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGG
AGAGGAGGAAGAAGGAGCTGACGAACGCCAAGTCAAACAGGAGTTCTGAACACGAGCCAGATTGTAACCTCCATT
GTTTCTGCTACTTGCTCAACGATACGGAGATCATGGTTTCAAGTTCAGGTCAGCCTGCACAGCAACGTGGCTGCCACAAGTCT
TCCTCTGTCCAAGTGCATAAAAGTGTATGGAGAACGAAGGCCCTCACCTAATAGTTTCATCAACTTACTCCACCTTCG
ACAACAGGACATTCTATAGCCTCCATGTTTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAGGAGGAGTGTCCAGCATTCTGCGAT
GAACTGGAGAGGATTATC

>SEQIDNO: 93

ATGGACCATCAGTGTTCGACGACCCCTTCGGGAGCAGCATCTCGTCGCTGGAGGCGGACATCTTCTCCGCCGGCGG
CGGCCGACAGCTGCCGTCGCCGCGCTGGCCGGACCTCGACCTCGACGACGACTACGACATACACGACCTTCCGCCGC
CGGCCGCCAACGCCGCCACCTCCTCGGGCGGCGGTATGGCTCCGGCGGCTCCGGCAGGAAGCTCAGCCACAACGCA
TACGAGCGCAGCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTCTACTCCTCGCTCCGATCCCTCCTCCCGGACGCTGATCACAC
TAAGAAGCTGAGCATCCCCACCACCGTGTCCCGAGTTCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGATAAAC
TGGAGAGGAGGAAGAAGGAGCTGACCAACGCCAAGTCAAACCGGGAGTTCTCAACACCAAGAGATCGTAACCTCC
ATTGTTTCTGCTACTTGCTTAAACGACACGGAGATCATGGTTTCAAGTTCAGGTCAGCCTGCACAGCAATGTGGCCGCCACAGC
TCTCCTCTCTCCAAGTGCATAAAGGTGCTAGAAAACGAAGGCCCTTCTCCTCGTCAGCTCATCAACCTACTCCACCT
TCGAGAACAAGACATTCTATAGCCTCCATCTTTCAGAGAAGTCAAAGAACGATGAAGGAGCAGTGTCCAGGATTCTGC
GACGAACCTGGAGAAGATCGTCAGGAAGAAAGCAGGGGCG

>SEQIDNO: 94

GCCTCGTGCCGGCGGGTGTCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACGGACTGGAGAAGAAGAAGGAGGA
GCTGACGCGCGCCAACTGCAAGCCCGGCGTGTGACCATGAAGGAGAACATGGCTCCGATCGTGTCCGCCACCTGCC
TCGATGACAGAGAAATCATGGTCCAGGTTCAGCCTGGTGGACCATGGCCGGAGTTCTGCCCATGTCCAAGTGCATC
AAGTGTCTGGAGAACGAAGGCCACGCCTCATCAGCTCGTCCACTTCCGCGTTTCAACAACAGGACGTTCTATAGCCT
CCATCTTCAGAGAACCACCGGACGATGAGCAAGGAGTGTCCGGCATTGTTGTAAGAAGCTGGAGAACGCCCTGACGC
AAAAGGCAGGACTACGTCTACATCACCACCAG

>SEQIDNO: 95

ATGGATCACCAGCTGTACGGCGACCCCTCCGCGAGCAGCTTCTCTCCGCTGGAGGCGACAGATCTTCTCCGGCCAGCT
GCCGCGTCTGTCACGCCATGGCCAAATCTCGACGTTGACCTCGCCCTGGACCTCGACGTTCTCGAGGATGACATCG
TCCGGGAGCTCTCTGCTGGCACAGTGGCAAACGCGGCATCGTCAGGTTCCGGCTCCGGCGCCCAAGAAGCTCAGC
CACAAACGCGTACGAGCGGACCCCGGAAGCAGCTCAACGAGCTATACCTCTCGCTCCGTTCTCTCCTCCCGGACGC
CGACCACACCAAGAAGCTGAGTATTCGACGACGGTGTGTGAGCGCTCAAGTACATCCCCGAGCTGCAGAACAGG
TCGAGAATCTGGAGAAGAAGAAAGAGAACTGGCTAGTGCCAACTGCAAACAGGGGTACTGAGCGTGACCGGCAGC
ATAGCTCCAACCTGTGCTCCGCTACTTGCTCAACCACAAGGAAATCATGGTTTCAAGTTCAGATTAGCTTGCTGAGAGATACAGA
TGCTTCTACAGCTTACCTCTTCCAAGTGTATAAATGTACTGGAGAACGAAGGACTTCAGCTCATCAGTTCATCGA
CTTCTCCACCTTTGGGAACAAAACGTTCTATAACCTCCATCTTCAGAGAAGTCAAAGGAGCCACTAAACATGGAGTG
CCCATCGTTTTG

>SEQIDNO: 96

CGCAGATCTTCTCCAGCCAGCTGCCGCGTACCAGCCGTTGGCCGAATCTCGATGTTGACGTTGACCTGGACCTCGAC
GTTCTTGAGGACGACGTCGTCGCCGAACTCTCAGGGAGGCCGCAACCGCGCATCGTCAGGCTCCGGCTCCGGCGG
CCCCGGTCCCACAAGAAGCTCAGTCAACACGCGTACGAGCCGACCCCGGAAGCAGTCAACGAGCTTACCTCT
CACTCCGTTCTCTCTGCGGACGCCACCACACTAAGAAGCTGAGTATTCGACGATGGTGTGTGAGCGCTCAAG
TACATCCCAGCTGCAGAAACAGGTCGAGAATCTGGAGAAGAAGAAGAGAACTTGCTAGTTCCAACGCAAACCA
GAGGTAAGTGCAGCAAGCGGCAGCATAGCTCTAACTGTGTCCGCTACTTGCTCAACGACAAGGAAATCATGGTTCA
GATTAGCTTGCTGAGACATACGGATGCTGTACAGCTTACCTCTTCCAAGTGTATAAATGTACTGGAGAACGAAG
GACTTGAGCTCGTCAGTTTACGACTTCTGCACCTTTGGGAACAAAATGTTCTATAACCTCCATCTTCAGAGAAGT
CAAGGAGCGCTAACATGGGAGTGTCCATCCTTCTGTGACAAATTTGGAACAAGCAATCAGGAAAACAGCAGGATTA

ES 2 560 806 T3

>SEQIDNO:97
CGACGGAAGCAGCTCAACGACCTTTACTCCTCGCTCCGCTCCCTCCTCCCGGACGCTGACCACACCAAGAAGCTGAG
CATCCCCACCACCGTGTCCCGAGTCTCTCAAGTACATCCCGGAGCTGCAGAAGCAGGTGGACAACCTGGAGAGGAGGA
AGCGGGAGCTGACCAACGCCAACTGCAAGCCGGGAGTTCTCAACACCAGCGAGATCGTAACTACTCCCATTGTTTCT
GCTACTTGCCCAACGACACGGAGATCATGGTTCAGGTGAGCCTGCACAGCAATGTGGCAGCCACGGCTCTCCCTCT
CTCCAAGTGATAAAGGTGCTGGAGGACGAGGCTTACCTCATCAGCTCATCAACCTACTCCACCTTTGGGAACA
AGACATTCTATAGCCTCCATCTTCAGGTGTGCATGCATGTTCAATGGTTCCTGCCGTTTCCTCAATTTTTTT
ATC

>SEQIDNO:98
MCALVPPLYPNFGWPCGDHSFYETDDVSNTFLDFPLPDLTVTHENVSSENNRTLLDNPVVMKKLNHNASERERRKKI
NTMFSSLRSLPPTNQTKLVSATVVSQALKYIPELQEQVKKLMKKKEELSFQISGQRDLVYTDQNSKSEEGVTSYAS
TVSSTRLSETEVMVQISSLQTEKCSFGNVLSGVEEDGLVLVVGASSRSRSHGERLFYSMHLQIKNGQVNSEELGDRLLY
LYEKCGHSFT

>SEQIDNO:99
MCALVPPLYPNFGWPCGDHSFYETDDVSNTFLDFPLPDLTVTHENVSSENNRTLLDNPVVMKKLNHNASERERRKKI
NTMFSSLRSLPPTNQTKLVSATVVSQALKYIPELQEQVKKLMKKKEELSFQISGQRDLVYTDQNSKSEEGVTSYA
STVSTRLSETEVMVQISSLQTEKCSFGNVLSGVEEDGLVLVVGASSRSRSHGERLFYSMHLQIKNGQVNSEELGDRLLY
LYEKCGHSFT

>SEQIDNO:100
PRRLRGRLLLLRRPPDPGGVRRRGADGGANLIHNAYERDRRKQRNELYSSLRALLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIP
ELQKQVENLERKKKELTTTSTNCKPGVLGSQLMSEGMPIVSATCINDMEIMVQVSLSNVAGSVLPLSKCIKVLE
NEGLHFISSTSSGFGNRTFYSIHLQRSEGTINEECPAFCEERLEKVVVRNKAAL

>SEQIDNO:101
MEHQLFDDPFSSSISSLEADIFSAGGQLPSPWPDLDDLDDDDGIHDL SAPAGNPTSSGGYGSGGSHRKHSHNAY
ERDRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLNTSIVTPI
VSATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATSLPLSKCIKVMENEGHLI SSSTYSTFDNRTFYSLHVQRSQRTMKEECPAFCD
ELERII

>SEQIDNO:102
MDHQLFDDPFSSSISSLEADIFSAGGGQLPSPWPDLDDLDDDDYDIHDL SAPAANAATSSGGYGSGGSGRKLSHNA
YERDRRKQLNELYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKKELTNANCKPGVLNTKEIVTP
IVSATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATALPLSKCIKVLENEGLLLVSSSTYSTFENKTFYSLHLQRSQRTMKEQCPCGFC
DELEKIVRKKAGA

>SEQIDNO:103
ASCRRVLKYIPELQKQVDGLEKKKEELTRANCKPGVLTMKENMAPIVSATCLDDREIMVQVSLVSTMAGVLPMSKCI
KVLENEGLRLISSSTSAFHNRFTFYSLHLQRTQRTMSKECPAFCEELENALTQKAGLRLHHHQ

>SEQIDNO:104
MDHQLYGDPASASSFPLEAQIFSGQLPSSSTPWPNDLVDLALDLDVLEDDIVRELSAGTVANAASSGSGGAHKKLS
HNAYERDRRKQLNELYLSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVCRALKYIPELQKQVENLEKKKEKLASANCKPGVLSVTGS
IAPTVSATCLNHKEIMVQISLLRDTDASTALPLSKCINVLENEGLQLISSSTSTFGNKTFYSLHLQRSQGATKHGV
PIVL

>SEQIDNO:105
RRKQLNDLYSSLRSLLPDADHTKKLSIPTTVSRVLKYIPELQKQVDNLERRKREL TNANCKPGVLNTSEIVTTPIVS
ATCLNDTEIMVQVSLHSNVAATALPLSKCIKVLE DAGLHLI 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 gcggctctgc 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 cggcgggcgg 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 gtctccgca 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 gtgtgcgagc tgtcactgtc catgcaacga ataaatactc tgtgtctgca
300 tcgctttgac agtgcttggc gcttctatga tatgtcctcc ggtttatgct ttgccagat
360 tcggaagaag atggggttgt tcttgttgat gtttcatctt ctaggctctca tggagaagg
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 gtcctgtcgt 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 cgtttatatt cttgtcgaaa ttcaatgatc gattatcaca tttac

<210> 7

<211> 631

5 <212> DNA

<213> Brassica napus

<400> 7

60 gacgacaaaa aaaaaaatta gaaaagaaga aaagagttaa tcgggtctct ctacagagtc
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 tggggttgtt cttggtgatg tttcatcttc
420 taggtctcat ggagaaaggc tcgtctacag tttgcatctt caaatgggaa acataaataa
10 480 tcacgagctg acgtgcgaag agctaagcca gagaatgtat acttgtatga ggaatgcgga
540 aactcgttta gatgataatc tgttcttgtt tcttttagtt atgtcatctg tttctcaaca
600 tgtaacattc atgtagccga gttgtttcgt ttattttctt 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 cgcgacgaga 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
<213> Glycine max

15 <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 ttcgttcact 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 atttctctt 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 gtgtcggggg 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 cgaccgccgg
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 cgaacgcaa 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 ctgcgatgaa 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 gcggtgatc aactacatcc cggagctgca gaaggaggta
360
gaccgcctgg agaagaagaa ggaggagctg aggcggggca gctgcgagca aggcgccatg
420
aggcagaaca cggccccgat cgtgtccgcc acctgcctcg acgacagga gatcatggtc
480
caggtcagcc tggtgagcac catggcgcca gctctgcca tgtccaagtg catcaaggtg
540
ctggagaacc aaggccttcg cctcataaat tctctgaatt ccgcgtttca gaacaggacg
600
ttctacagcc tccatcttca gagaacccaa cggacaatga gcaaggaggg ccaaacattt
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

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

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

<400> 15

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

<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

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

<400> 17

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

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

<400> 18

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

20

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

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

<210> 26

<211> 206

5 <212> PRT

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> característica miscelánea

10 <222> (157)..(157)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

<221> característica miscelánea

15 <222> (168)..(169)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 26

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

5 762

<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 ggcagggttac
120 gagagctact acctcggcgg agaaaacctc aacaacgaca tgtttcttga ttttccggtt
180 gtggaaactt atggagtatt ggctcatcat cagaacagct taggagtttc tgtttcgctg
240 gagggaaatg gaatagacaa caaccoggtt gttaaaaaga agcttaatca caatgctagt
300 gagcgtgacc gtcgcaagaa gatcaactct ttgtttgcat 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 tgaattgcga 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 tgacatgcga 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 aaggcgtgct 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 ccatggcgg agctctgcc
600 atgtccaagc gcatcaaagt gctggagaac gaaggcctcc gcctcatcag ctctccact
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 aagcagtgc
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 aaatgaagaa 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 aagtccatta
360
tcagaaatct tgctcacctt agaggaagat ggacttgttc taaaaaactc ttcttccttt
420
gagtcatttg gggacagggc cttctataat ttacatcttc aggtcatgga aggaacttac
480
acattggata gtgaggccat gagggcgaag cttgtgtctt tatctgtaaa 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 gtcacacatc attcacggcc
180
cacagtggaa gcggtgacct 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 ccgatgaaat 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 ccctccgatc 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 cattcagggt ttgaagacta agcttttagt aatgtgt

<210> 46

15 <211> 642

ES 2 560 806 T3

<212> DNA

<213> Sorghum bicolor

<400> 46

5
60 atggaccatc agctgttcga cgaccccttc gggagcagca tctcgtcgtt ggaggcggac
120 atcttctccg cgggcggcgg cggacagctg cgtcgcggc cgtggccgga cctcgacctc
180 gacgacgact acgacataca cgacctctcc gcgccggccg ccaacgccgc cacctcctcg
240 ggaggaggct atggctccgg cggctccggc aggaagctca gccacaacgc atacgagcgc
300 gaccgccgga agcagctcaa cgagctctac tctcgtctcc gatccctcct cccggacgct
360 gatcacacta agaagctgag catccccacc accgtgtccc gagttctcaa caccaaagag
420 atcgtaactc ccattgtttc tgctacttgc cttaacgaca cggagatcat ggttcaggtc
480 agcctgcaca gcaatgtggc cgccacagct ctccctctct ccaagtgcac aaaggtgcta
540 gaaaacgaag gccttctcct cgtcagctca tcaacctact ccaccttcga gaacaagaca
600 ttctatagcc tccatcttca gagaagtcaa agaacgatga aggagcagtg cccaggattc
642 tgcgacgaac tggagaagat cgtcaggaag aaagcagggg cg

<210> 47

<211> 672

10 <212> DNA

<213> Triticum aestivum

<400> 47

ES 2 560 806 T3

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

<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 cgcgccaaact gcaaccgggn
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 ggtggtctt 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 tgcagtgtt agaaaatgat
660 ggcttttttc tgctacatgc ttcttctca gaaaccttg 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 ggcccttga ggateccata
60
agccatgcac agaactacat atatggagaa acagaaactt cagaatcggt tcttcacttg
120
ccctcatctc agccacaagt ggaactcaat tgctccacc 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 acacttggaa 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

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

<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

ES 2 560 806 T3

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

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

Leu Pro Asp Val Asp Leu Asp Phe Asp Ile His Glu Phe Ser Ala Pro
 35 40 45

Ala Thr Ala Pro Ala Lys Ala Ala Ser Ser Gly Gly Ser Gly Leu Val
 50 55 60

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

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

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

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

Asp Leu Lys Lys Lys Lys Gln Glu Leu Ser Thr Ala Lys Cys Arg Glu
 130 135 140

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

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

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

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

Arg Thr Phe Tyr Ser Phe His Phe Glu Val Arg Phe Tyr Met Arg Pro
 210 215 220

5 <210> 73
 <211> 130
 <212> PRT
 <213> Triticum aestivum

10 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (65)..(65)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

15 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (67)..(67)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<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

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

Leu Pro Ile Tyr

<210> 76

<211> 245

5 <212> PRT

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> característica miscelánea

10 <222> (20)..(20)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 76

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
 <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 cttcaacggt 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 aatggatgc 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 cttcttctct 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 cttcttctct 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 ttcgagca gcatgtcgtc gcttgaggcg
120 gacatcttct ccggcgccgg ccagctgccc tcctcgccgt ggctggacct agacctgac

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

85

90

95

Asn Ala Leu Tyr Ala Ser Leu Arg Ala Leu Leu Pro Pro Ser Asp Gln
 100 105 110

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

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

Glu Leu Met Lys Arg Ile Ser Asn Lys Thr Glu Thr Leu Asn His Gln
 145 150 155 160

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

Ser Ser Gln Lys Ile Ala
 180

<210> 86

<211> 226

5 <212> PRT

<213> Brassica rapa

<400> 86

Met Glu Tyr Pro Trp Leu Asp Ser Phe Ser Pro Thr Leu Pro Ser Ser
 1 5 10 15

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

Asn Leu Leu Pro His His Met Asn Leu Ala Asp Ile Asn Gly Thr Asn
 35 40 45

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

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

10

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

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 ttccgttgcc 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 aaaatgttgc
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 gcatcccgac 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 tacttgctc
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 tctcgtcgct 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 aaagtgcta 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 agaacgcctt gacgcaaaag gcaggactac gtctacatca ccaccag

<210> 95

<211> 705

ES 2 560 806 T3

<212> DNA
<213> Triticum aestivum

<400> 95

5
60 atggatcacc agctgtacgg cgacccctcc gcgagcagct tctctccgct ggaggcacag
120 atcttctccg gccagctgcc gccgtcgtca acgccatggc 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 caccgcccgt gccgaatctc gatggtgacg
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 ggtcgagaat 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 cgacttcctg 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*

10

<400> 101

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

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> 125

<211> 240

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia proteica de AtbHLH101

10

<400> 125

Met Glu Tyr Pro Trp Leu Gln Ser Gln Val His Ser Phe Ser Pro Thr
 1 5 10 15

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 -MCALVPSFFTNGFGWPSTNQYESYYGAGDNLNNGTFLELTVP-QTY----EVTHHQNSLG
AtbHLH100 -MCALVPPLYPNFGWPCG--DHSFYETDDVSN--TFLDFPLP-----DLTVTHEN---
AtbHLH101 MEYPWLQSQVHSFSPTLHFPSFLHPLDDSKSHNINLHHMSLS-----HSNNTNSNN
      . : . . * . . . . : : : : : : : : : *

AtbHLH39 VSVSSEGN-EIDNNPVVVKLNHNASERDRRRKINSLFSSLRCLPASGQSKKLSIPATV
AtbHLH38 VSVSSEGN-EIDNNPVVVKLNHNASERDRRRKINTLFSSLRCLPASDQSKKLSIPETV
AtbHLH100 --VSENNRTLLDNPVVMKLNHNASERERRKKINTMFSSLRCLPPTNQTKKLSVSATV
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)
      :. *** : : * : : .
    
```