

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 563 485**

51 Int. Cl.:

C12N 15/11 (2006.01)

C12N 5/10 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **01.07.2009 E 09774434 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **25.11.2015 EP 2304030**

54 Título: **Construcciones de ADN recombinante y procedimientos para modular la expresión de un gen diana**

30 Prioridad:

01.07.2008 US 77244 P

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

15.03.2016

73 Titular/es:

**MONSANTO TECHNOLOGY LLC (100.0%)
800 North Lindbergh Blvd.
St. Louis, MO 63167, US**

72 Inventor/es:

**IVASHUTA, SERGEY I;
WIGGINS, BARBARA E. y
ZHANG, YUANJI**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

Observaciones :

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

ES 2 563 485 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

Construcciones de ADN recombinante y procedimientos para modular la expresión de un gen diana

Campo de la invención

5 En el presente documento se desvelan procedimientos para aumentar la expresión de un gen diana en una célula vegetal, que comprenden expresar en dicha célula vegetal una construcción de ADN recombinante con ADN que se somete a microprocesamiento en un ARN que proporciona resistencia a la escisión por RNasa II en un transcrito de gen diana. Dichos ARN sirven como bloqueadores de la escisión útiles para aumentar la expresión de un gen diana. Los procedimientos están basados en secuencias de sitio de reconocimiento de miARN y su uso en el diseño de construcciones de ADN recombinante que incluyen transgenes que no responden a miARN, señuelos de miARN, bloqueadores de la escisión. Los procedimientos también se basan en células vegetales transgénicas no naturales, plantas, y semillas que contienen en su genoma una construcción de ADN recombinante.

Antecedentes de la invención

15 Se han descrito varias rutas celulares implicadas en la supresión génica mediada por ARN, cada una distinguida por una ruta característica y componentes específicos. En general, la supresión génica mediada por ARN implica un intermedio de ARN bicatenario (ARNbc) que se forma intramolecularmente en una sola molécula de ARN o intermolecularmente entre dos moléculas de ARN. Este intermedio de ARNbc se procesa por una ribonucleasa de la familia de RNasa III (ribonucleasa Dicer o similar a Dicer) en uno o más ARN bicatenarios más pequeños, una hebra del cual se incorpora por la ribonucleasa en el complejo de silenciamiento inducido por ARN ("RISC"). Qué hebra se queda incorporada en RISC se cree que depende de determinadas propiedades termodinámicas del ARN pequeño bicatenario, tales como aquellas descritas por Schwarz y col. (2003) Cell, 115:199-208, y Khvorova y col. (2003) Cell, 115:209-216.

20 La ruta del ARNpi implica la escisión fuera de fase de un intermedio de ARN bicatenario más largo en ARN pequeños interferentes ("ARNpi"). Se cree que el tamaño de los ARNpi varía desde aproximadamente 19 a aproximadamente 25 pares de bases, pero las clases comunes de ARNpi incluyen aquellas que contienen 21 pares de bases o 24 pares de bases. Véase, por ejemplo, Hamilton y col. (2002) EMBO J., 21:4671-4679.

25 La ruta del microARN implica microARN ("miARN"), ARN que no codifican proteínas de entre aproximadamente 19 a aproximadamente 25 nucleótidos (comúnmente de entre 20 - 24 nucleótidos en plantas) que orientan la escisión en *trans* de transcritos diana, regulando de manera negativa la expresión de genes implicados en varias rutas de regulación y desarrollo; véase Ambros y col. (2003) RNA, 9:277-279. Los miARN de origen natural provienen de un transcrito primario ("pri-miARN") que se procesa de manera natural en un transcrito más corto ("pre-miARN") que en sí se procesa adicionalmente en el miARN maduro. Para una revisión reciente de la biogénesis de miARN tanto en plantas como en animales, véase Kim (2005) Nature Rev. Mol. Cell Biol., 6:376-385. La regulación génica de las rutas biológicas por los miARN puede suceder a múltiples niveles y de diferentes modos, incluyendo la regulación de uno solo o de múltiples genes, la regulación de reguladores transcripcionales, y la regulación del corte y empalme alternativo; véase Makeyev y Maniatis (2008) Science, 319:1789-1790. Diversas utilidades de los miARN, de sus precursores, de sus sitios de reconocimiento, y de sus promotores se describen en detalle en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2006/0200878 A1 asignada conjuntamente, que incluye: (1) la expresión de una secuencia de miARN o precursora de miARN nativa para suprimir un gen diana; (2) la expresión de una secuencia de miARN o precursora de miARN diseñada por ingeniería genética (no nativa) para suprimir un gen diana; (3) la expresión de un transgén con un sitio de reconocimiento de miARN, en el que el transgén se suprime cuando se expresa el miARN maduro correspondiente, ya sea de manera endógena o transgénica; y (4) la expresión de un transgén dirigido por un promotor de miARN.

35 En la ruta del ARNpi que actúa en *trans* ("ARNpi-ta"), los miARN sirven para orientar el procesamiento en fase de transcritos primarios de ARNpi en un proceso que requiere de una ARN polimerasa dependiente de ARN para la producción de un precursor de ARN bicatenario; los ARNpi que actúan en *trans* se definen por la ausencia de estructura secundaria, un sitio diana de miARN que inicia la producción de ARN bicatenario, requerimientos de DCL4 y una ARN polimerasa dependiente de ARN (RDR6), y la producción de múltiples ARN pequeños de ~21 nucleótidos perfectamente en fase con dúplex perfectamente emparejados con salientes 3' de 2 nucleótidos (véase Allen y col. (2005) Cell, 121:207-221; Vazquez y col. (2004) Mol. Cell, 16:69-79).

40 La ruta de ARN pequeño en fase ("ARNp en fase") (véase la solicitud de patente PCT PCT/US2007/019283, publicada como el documento WO 2008/027592) se basa en un locus endógeno denominado "un locus de ARN pequeño en fase", que se transcribe en un transcrito de ARN que forma una sola estructura plegada que se escinde en fase *in vivo* en múltiples ARN bicatenarios pequeños (denominados "ARN pequeños en fase") capaces de suprimir a un gen diana. A diferencia de los ARNpi, un transcrito de ARN pequeño en fase se escinde en fase. A diferencia de los miARN, un transcrito de ARN pequeño en fase se escinde por ribonucleasa DCL4 o un ortólogo similar a DCL4 (no DCL1) en múltiples ARN pequeños abundantes capaces de silenciar a un gen diana. A diferencia de la ruta de ARNpi-ta, el locus de ARN pequeño en fase se transcribe en un transcrito de ARN que forma ARN hibridado independientemente de una ARN polimerasa dependiente de ARN y sin un sitio diana de miARN que inicie

la producción de ARN bicatenario.

Se ha comunicado la supresión génica mediada por ARN pequeños procesados a partir de transcritos antisentido naturales en al menos dos rutas. En la ruta del ARN pequeño de interferencia de transcrito antisentido natural ("ARNpi-nat") (Borsani y col. (2005) Cell, 123:1279-1291), los ARNpi se generan mediante la escisión por DCL1 de un ARN bicatenario entre los transcritos antisentido de un par de genes (par de genes antisentido en cis). Una ruta de microARN de transcrito antisentido natural ("miARN-nat") (Lu y col. (2008) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 105: 4951-4956) también se ha comunicado. En animales metazoos, se ha comunicado que los ARN pequeños, denominados ARN que interactúan con Piwi ("piARN"), también tienen una actividad de silenciamiento génico (Lau y col. (2006) Science, 313:363-367; O'Donnell y Boeke (2007) Cell, 129:37-44).

10 **Sumario de la invención**

En un aspecto, la presente invención proporciona un procedimiento para aumentar la expresión de un gen diana en una célula vegetal, que comprende expresar en dicha célula vegetal una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se expresa en una célula vegetal transgénica y se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana en dicha célula vegetal transgénica para formar un segmento hibridado de ARN hibridado al menos parcialmente que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III dentro o en las proximidades del segmento hibridado,

en el que dicha unión es en un sitio de reconocimiento de miARN en dicho transcrito, sucediendo dicha escisión de dicho transcrito en dicho sitio de reconocimiento de miARN, y formándose dicho segmento hibridado al menos parcialmente en dicho sitio de reconocimiento de miARN, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión de dicho al menos un gen diana por un miARN maduro.

Breve descripción de los dibujos

La **figura 1** ilustra las estructuras plegadas previstas del precursor miRMON1 de miARN nativo (**figura 1A**), del precursor de miRGL1 de miARN sintético (**figura 1B**), del bloqueador de la escisión sintético miRGL1-CB (**figura 1C**), y del bloqueador de la escisión miRGL1 modificado en 5' sintético (**figura 1D**), así como un alineamiento (**figura 1E**) del sitio de reconocimiento de miARN en el gen diana GL1, del miRGL1 maduro, del miRGL1-CB maduro, y del sitio de reconocimiento de GL1 artificial en el sensor de miRGL1, tal como se describe en los **ejemplos 1 y 2**.

La **figura 2** ilustra un vector base de transformación de maíz (pMON93093, **SEC ID N°: 2065**), tal como se describe en el **ejemplo 5**. La **figura 3** ilustra un vector base de transformación de soja o de algodón (pMON82053, **SEC ID N°: 2066**), tal como se describe en el **ejemplo 5**.

La **figura 3** ilustra un vector base de transformación de algodón (pMON99053, **SEC ID N°: 2067**), tal como se describe en el **ejemplo 5**.

Descripción detallada de la invención

A menos que se afirme lo contrario, las secuencias de ácidos nucleicos en el texto de la presente memoria descriptiva se proporcionan, cuando se leen de izquierda a derecha, en la dirección de 5' a 3'. Las secuencias de ácido nucleico pueden proporcionarse como ADN o como ARN, tal como se especifica; la divulgación de una define necesariamente a la otra, tal como sabe un experto habitual en la materia. La expresión "precursor de miARN", tal como se usa en el presente documento, se refiere a un transcrito de ARN que se procesa de manera natural para producir un miARN maduro. En los casos donde se proporciona un término en singular, los inventores también contemplan aspectos de la invención descritos por el plural de ese término.

CONSTRUCCIONES DE ADN RECOMBINANTES QUE SE PROCESAN EN ARN PROPORCIONANDO RESISTENCIA A RNASA III A UN TRANSCRITO DE GEN DIANA

En un aspecto, la presente invención proporciona un procedimiento para aumentar la expresión de un gen diana en una célula vegetal, que comprende expresar en dicha célula vegetal una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se expresa en una célula vegetal transgénica y se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana en dicha célula vegetal transgénica para formar un segmento hibridado de ARN hibridado al menos parcialmente que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III dentro o en las proximidades del segmento hibridado,

en el que dicha unión es en un sitio de reconocimiento de miARN en dicho transcrito, sucediendo dicha escisión de dicho transcrito en dicho sitio de reconocimiento de miARN, y formándose dicho segmento hibridado al menos parcialmente en dicho sitio de reconocimiento de miARN, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión de dicho al menos un gen diana por un miARN maduro.

La construcción de ADN recombinante se prepara mediante técnicas conocidas en la materia, tales como aquellas descritas en el encabezado "Elaboración y uso de construcciones de ADN recombinante" e ilustradas en los ejemplos de trabajo. La construcción de ADN recombinante es particularmente útil para preparar células vegetales transgénicas, plantas transgénicas, y semillas transgénicas, tal como se discute más adelante en "Elaboración y uso

de células vegetales transgénicas y plantas transgénicas". La presente invención incluye, por lo tanto, realizaciones en las que la construcción de ADN recombinante se coloca en un vector para transformar una célula vegetal (tal como en un plásmido o vector viral), o sobre una partícula biolística para transformar una célula vegetal, o en un cromosoma o plástido de una célula vegetal transgénica no natural, o en una célula transgénica no natural, tejido vegetal transgénico no natural, semilla de planta transgénica no natural, grano de polen transgénico no natural, o una planta transgénica o parcialmente transgénica no natural. También se desvelan métodos en los que la construcción de ADN recombinante se encuentra en un producto de consumo producido a partir de una célula transgénica no natural, tejido vegetal transgénico no natural, semilla de planta transgénica no natural, grano de polen transgénico no natural, o una planta transgénica o parcialmente transgénica no natural; dichos productos de consumo incluyen, pero sin limitación, hojas cosechadas, raíces, brotes, tubérculos, tallos, frutos, semillas, u otras partes de una planta, alimentos, aceites, extractos, productos de fermentación o digestión, granos o semillas trituradas o completas de una planta, o cualquier producto alimentario o no alimentario, incluyendo dichos productos de consumo producidos por una célula vegetal, planta o semilla transgénica.

El procesamiento del ADN incluye la transcripción del ADN en un transcrito de ARN primario, que puede someterse a una o más etapas de procesamiento naturales que den como resultado el ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana. En una realización, el procesamiento del ADN incluye la transcripción del ADN en un intermedio de ARN que incluye uno o más tallos de ARN bicatenario; el tallo o tallos de ARN bicatenario se procesan adicionalmente en ARN monocatenario. Un producto final del procesamiento del ADN es el ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana.

Por ejemplo, la construcción de ADN recombinante incluye ADN que se transcribe en un transcrito primario con una secuencia procedente de una secuencia de miARN-pri o de miARN-pre que forma estructura secundaria, incluyendo uno o más tallos bicatenarios, seguido del procesamiento del transcrito primario en un intermedio más corto, al menos parcialmente bicatenario (similar al miARN-pre) que después se escinde por una ribonucleasa RNasa III (ribonucleasa III, por ejemplo, una ribonucleasa Drosha o DCL1 o un ortólogo similar a DCL1) en un par de ARN monocatenarios (similares a un miARN y un par de miARN*). En otro ejemplo, la construcción de ADN recombinante incluye ADN que se transcribe en un transcrito primario que forma estructura secundaria, incluyendo uno o más tallos bicatenarios, seguido de la escisión del tallo (o los tallos) de ARN por una ribonucleasa RNasa III en uno o más pares de ARN pequeños monocatenarios (similar a un dúplex de ARN_{pi}). En otro ejemplo, la construcción de ADN recombinante incluye ADN que se transcribe en un transcrito primario que incluye uno o más intrones que se pueden cortar y empalmar que se eliminan mediante procesamiento intrónico. En otro ejemplo más, la construcción de ADN recombinante incluye ADN que se transcribe en un transcrito primario que incluye una o más ribozimas autoescisoras (véase, por ejemplo, Tang y Breaker (2000) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 97:5784-5789); la retirada de la ribozima (o de las ribozimas) da como resultado que el ARN, incluyendo ARN monocatenario, se una al transcrito de al menos un gen diana.

El ARN resultante del procesamiento del ADN incluye al menos ARN bicatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana. En una realización, el ARN resultante del procesamiento del ADN consiste en una molécula de ARN monocatenario que se une al transcrito de un gen diana. En otra realización, el ARN resultante del procesamiento del ADN consiste en una molécula de ARN monocatenario que se une a los transcritos de múltiples genes diana. En otra realización, el ARN resultante del procesamiento del ADN consiste en múltiples moléculas de ARN monocatenario que se unen al transcrito de al menos un gen diana; esto puede ser el resultado, por ejemplo, del procesamiento de un transcrito de ARN primario que tiene múltiples segmentos, incluyendo cada uno ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana, por ejemplo, donde los múltiples segmentos (que pueden tener la misma secuencia o una diferente) se separan mediante zibozimas autoescisoras y la escisión de las ribozimas produce los múltiples ARN monocatenarios. En otra realización, el ARN resultante del procesamiento del ADN incluye ARN bicatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana, así como elementos de ARN adicionales (que pueden ser monocatenarios, bicatenarios o ambos), tales como, pero sin limitación, un aptámero de ARN, un ribointerruptor de ARN, una ribozima, sitios de reconocimiento de recombinasa de sitio específico, o una secuencia de ARN que sirve para regular la transcripción del ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana.

En varias realizaciones, el al menos un gen diana incluye: secuencia codificante, secuencia no codificante, o secuencias tanto codificantes como no codificantes; un solo gen diana o múltiples genes diana (por ejemplo, múltiples alelos de un gen diana, o múltiples genes diana diferentes); o uno o más de (a) un gen endógeno de un eucariota, (b) un transgén de una planta transgénica, (c) un gen endógeno de una plaga o un patógeno de una planta, y (d) un gen endógeno de un simbionte procariota o eucariota asociado con una plaga o un patógeno de una planta. Los genes diana que pueden regularse por una construcción de ADN recombinante se describen detalladamente más adelante con el encabezado "Genes diana".

El ARN monocatenario se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de ARN al menos parcialmente (en algunos perfectamente) bicatenario. En algunas realizaciones, el porcentaje de complementariedad entre el ARN monocatenario y el transcrito de al menos un gen es del 100%. Sin embargo, es evidente que el emparejamiento de bases de Watson-Crick no tiene por qué ser completo entre el ARN monocatenario y el transcrito de al menos un gen diana, pero es al menos suficiente tal que en condiciones fisiológicas se forma un segmento hibridado de manera estable de ARN al menos parcialmente bicatenario entre los

dos.

El segmento hibridado del ARN bicatenario confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III (por ejemplo, proteínas Drosha o Dicer o similares a Dicer, incluyendo, pero sin limitación, las proteínas *DCL1*, *DCL2*, *DCL3*, *DCL4*, similar a *DCL1*, similar a *DCL2*, similar a *DCL3*, o similar a *DCL4*) dentro o en las proximidades del segmento hibridado. En muchos casos, la resistencia conferida es resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en el segmento hibridado. Por ejemplo, en los casos donde el ARN monocatenario se une al transcrito de al menos un gen diana en un sitio de reconocimiento de miARN en el transcrito reconocido y unido por un miARN endógeno, de tal forma que el segmento hibridado abarca el sitio de reconocimiento de miARN, el segmento hibridado de ARN bicatenario confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en el sitio de reconocimiento de miARN (es decir, en el segmento hibridado). En otros casos, la resistencia conferida es resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en las proximidades del segmento hibridado. Por ejemplo, en los casos donde el ARN monocatenario se une al transcrito de al menos un gen diana adyacente de manera inmediata o próxima a un sitio de reconocimiento de miARN en el transcrito reconocido y unido por un miARN endógeno, de tal forma que el segmento hibridado no abarca el sitio de reconocimiento de miARN pero está lo suficientemente cerca como para evitar la unión por el miARN endógeno al transcrito, el segmento hibridado de ARN bicatenario confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en el sitio de reconocimiento de miARN (es decir, en la proximidad de, pero no en, el segmento hibridado).

La longitud del ARN monocatenario o es necesariamente igual a la longitud del segmento hibridado, ya que no todo el ARN monocatenario se une necesariamente al transcrito de al menos un gen diana. En algunas realizaciones, la longitud del ARN monocatenario es aproximadamente igual a, o exactamente igual a, la longitud del segmento hibridado. En otras realizaciones, la longitud del ARN monocatenario es mayor que la longitud del segmento hibridado. Expresada en términos de números de nucleótidos contiguos, la longitud del ARN monocatenario es generalmente de entre aproximadamente 10 nucleótidos a aproximadamente 500 nucleótidos, o de entre aproximadamente 20 nucleótidos a aproximadamente 500 nucleótidos, o de entre aproximadamente 20 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos, por ejemplo, aproximadamente 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, aproximadamente 30, aproximadamente 35, aproximadamente 40, aproximadamente 45, aproximadamente 50, aproximadamente 60, aproximadamente 70, aproximadamente 80, aproximadamente 90, aproximadamente 100, aproximadamente 120, aproximadamente 140, aproximadamente 160, aproximadamente 180, aproximadamente 200, aproximadamente 240, aproximadamente 280, aproximadamente 320, aproximadamente 360, aproximadamente 400, o aproximadamente 500 nucleótidos. Expresada en términos de números de nucleótidos contiguos (y reconociendo que el segmento hibridado puede incluir nucleótidos que no están emparejados por bases), la longitud del segmento hibridado es generalmente de entre aproximadamente 10 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos, o de entre aproximadamente 10 nucleótidos a aproximadamente 24 nucleótidos, o de entre aproximadamente 20 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos, o de entre aproximadamente 26 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos, aunque puede ser mayor de aproximadamente 100 nucleótidos, y en algunas realizaciones preferidas es preferentemente menor de 100 nucleótidos (tal como en algunas realizaciones de inhibidores traduccionales, descritos más adelante con el encabezado "Inhibidores traduccionales"). En realizaciones preferidas, la longitud del segmento hibridado es de aproximadamente 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, aproximadamente 30, aproximadamente 35, aproximadamente 40, aproximadamente 45, aproximadamente 50, aproximadamente 60, aproximadamente 70, aproximadamente 80, aproximadamente 90, o aproximadamente 100 nucleótidos. En una realización particularmente preferida, la longitud del segmento hibridado es de entre aproximadamente 10 a aproximadamente 24 nucleótidos, por ejemplo, aproximadamente 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, o 24 nucleótidos.

En muchas realizaciones, la construcción de ADN recombinante incluye otros elementos de ADN además del ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado. Estos elementos de ADN adicionales incluyen al menos un elemento seleccionado entre el grupo que consiste en:

- (a) un promotor funcional en una célula eucariota (vegetal, animal, hongo o protista), tal como cualquiera de los promotores descritos en el encabezado "Promotores";
- (b) un promotor de Pol III (véase "Promotores", más adelante) unido operativamente al ADN que se somete a procesamiento en un ARN, incluyendo ARN monocatenario;
- (c) ADN que se procesa en un aptámero de ARN (tal como se describe en el encabezado "Aptámeros");
- (d) una unidad de transcripción de transgén (tal como se describe en el encabezado "Unidades de transcripción de transgenes");
- (e) ADN que codifica un intrón que puede cortarse y empalmarse (tal como se describe en el encabezado "Intrones");
- (f) ADN que codifica una ribozima autoescisora (tal como se describe en el encabezado "Ribozimas");
- (g) ADN que codifica un sitio de reconocimiento de recombinasa de sitio específico (tal como se describe en el encabezado "Recombinasas");
- (h) ADN que codifica un elemento de supresión génica (tal como se describe en el encabezado "Elementos de supresión génica"); y

(i) ADN que codifica un elemento regulador de la transcripción (tal como se describe en el encabezado "Elementos reguladores de la transcripción").

5 La construcción de ADN recombinante es particularmente útil para proporcionar un ARN que funcione como "bloqueante de la escisión", según la interacción de ARN con el transcrito del gen (o los genes) diana. Los bloqueantes de la escisión se describen en más detalle a continuación.

Bloqueadores de la escisión

10 Un aspecto de los procedimientos de la presente invención comprende el uso de una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, en el que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación resultante del segmento hibridado) inhibe la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario. En este contexto, la expresión "bloqueador de la escisión" se refiere generalmente al ARN que incluye ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana, y más específicamente se refiere a la porción (o porciones) del ARN monocatenario que forma un segmento hibridado de ARN al menos parcialmente bicatenario con el transcrito. Los bloqueadores de la escisión inhiben la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenaria, de este modo aumentando la expresión del gen diana (en relación a la expresión en ausencia del bloqueador de la escisión).

20 En general, la escisión por una ribonucleasa RNasa III está mediada por la unión de un ARN pequeño (más preferentemente un ARN pequeño que se asocia con un complejo de silenciamiento) al transcrito. En realizaciones preferidas, el ARN pequeño se selecciona entre el grupo que consiste en un miARN, un ARNpi, un ARNpi que actúa en trans, un ARN pequeño en fase, un ARNpi de transcrito antisentido natural, y un ARNpi de transcrito antisentido natural; sin embargo, estos ARN pequeños pueden ser cualquier ARN pequeño asociado con un complejo de silenciamiento, tal como RISC o una proteína Argonauta o similar a Argonauta. En algunas realizaciones, el ARN pequeño es un ARN pequeño endógeno (por ejemplo, un miARN endógeno); en otras realizaciones, el ARN pequeño es un ARN pequeño transgénico (por ejemplo, un miARN diseñado por ingeniería genética expresado de manera transgénica).

30 En varias realizaciones, la longitud del segmento hibridado incluye entre aproximadamente 10 pares de bases a aproximadamente 100 pares de bases, aunque puede ser mayor de aproximadamente 100 pares de bases. En realizaciones preferidas (y reconociendo que el segmento hibridado puede incluir nucleótidos que no están emparejados por bases), la longitud del segmento hibridado incluye entre aproximadamente 10 pares de bases a aproximadamente 100 pares de bases, tal como entre aproximadamente 10 a aproximadamente 20, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 24, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 30, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 40, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 50, o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 28, o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 25, o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 24, o entre aproximadamente 20 a aproximadamente 30, o entre aproximadamente 20 a aproximadamente 40, o entre aproximadamente 20 a aproximadamente 50 pares de bases. En realizaciones preferidas, la longitud del segmento hibridado es de aproximadamente 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, aproximadamente 30, aproximadamente 34, aproximadamente 40, aproximadamente 45, aproximadamente 50, aproximadamente 60, aproximadamente 70, aproximadamente 80, aproximadamente 90, o aproximadamente 100 pares de bases, en el que el segmento hibridado incluye opcionalmente nucleótidos adicionales que no están emparejados por bases y que no se cuentan en la longitud del segmento hibridado cuando esta se expresa en términos de pares de bases. En realizaciones particularmente preferidas, la longitud del segmento hibridado es de entre aproximadamente 18 a aproximadamente 28 pares de bases (esto es, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, o 28 pares de bases), o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 24 pares de bases (esto es, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, o 24 pares de bases), o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 24 pares de bases (esto es, 18, 19, 20, 21, 22, 23, o 24 pares de bases) en el que el segmento hibridado incluye opcionalmente nucleótidos adicionales que no están emparejados por bases y que no se cuentan en la longitud del segmento hibridado cuando esta se expresa en términos de pares de bases. Un experto en la materia es capaz de determinar qué número de nucleótidos no emparejados es aceptable para un segmento hibridado dado, es decir, que todavía permitirá la formación de un segmento hibridado que sea estable en condiciones fisiológicas y que sea resistente a la escisión por una ribonucleasa RNasa III.

55 En algunos casos, el segmento hibridado está completamente emparejado por bases, es decir, contiene una secuencia de ribonucleótidos contigua que tiene la misma longitud que, y es perfectamente complementaria a, una secuencia de ribonucleótidos contigua del transcrito del gen diana. En realizaciones particularmente preferidas, sin embargo, el segmento hibridado no está completamente emparejado por bases, e incluye al menos un desemparejamiento o al menos una inserción en el segmento hibridado en una posición que dé como resultado la inhibición de la escisión del transcrito por la ribonucleasa RNasa III.

60 Un aspecto de la presente invención proporciona procedimientos para expresar un "bloqueador de la escisión de

miARN". Una realización preferida es un procedimiento para expresar una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, en el que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación resultante del segmento hibridado) inhibe la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario, en el que la escisión por una ribonucleasa RNasa III está mediada por la unión de un miARN maduro, la unión es en un sitio de reconocimiento de miARN (que se reconoce por el miARN maduro) en el transcrito, la escisión del transcrito sucede en el sitio de reconocimiento de miARN, y formándose el segmento hibridado al menos parcialmente en el sitio de reconocimiento de miARN. En esta realización, la construcción de ADN recombinante produce un ARN bloqueador de la escisión de miARN que se une a (o en la proximidad de) un sitio de reconocimiento de miARN en un transcrito de gen diana, formando un segmento hibridado que es en sí resistente a la escisión por ribonucleasa RNasa III (o que previene la escisión por ribonucleasa RNasa III del transcrito en la proximidad del segmento hibridado), evitando de este modo que el miARN que normalmente reconoce al sitio de reconocimiento de miARN se una al sitio de reconocimiento de miARN y mediando la escisión por ribonucleasa RNasa III del transcrito de gen diana. En realizaciones particularmente preferidas, el segmento hibridado incluye: (a) al menos un desemparejamiento entre el ARN monocatenario y el sitio de reconocimiento de miARN en posiciones del sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 9, 10, u 11 (en dirección de 3' a 5') del miARN maduro, o (b) al menos una inserción en una posición en el ARN monocatenario en posiciones del sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 10 u 11 (en dirección de 3' a 5') del miARN maduro. En algunas realizaciones preferidas, el ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana tiene una secuencia de nucleótidos para permitir que se forme un segmento hibridado de manera estable entre esta y el transcrito del gen diana, pero que inhibe la unión de una proteína Argonauta o similar a Argonauta al segmento hibridado, tal como se describe por Mi y col. (2008) Cell, 133:1-12; por ejemplo, el ARN monocatenario tiene una secuencia de nucleótidos que incluye una A, G, o C (pero no un U) en una posición correspondiente al extremo 5' del miARN maduro que se une de manera nativa al sitio de reconocimiento. Lo más preferentemente, la unión de un bloqueador de la escisión de miARN a un transcrito de gen diana da como resultado la inhibición de la supresión mediada por miARN de el al menos un gen diana, de este modo aumentando la expresión del gen diana (en relación a la expresión en ausencia del bloqueador de la escisión de miARN).

Otro aspecto de la presente invención incluye procedimientos para hacer uso de un "bloqueador de la escisión modificado en 5'". Una realización preferida incluye una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, en el que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación resultante del segmento hibridado) inhibe la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario, en el que la escisión por una ribonucleasa RNasa III está mediada por la unión de un miARN maduro, la unión es en un sitio de reconocimiento de miARN (que se reconoce por el miARN maduro) en el transcrito, la escisión del transcrito sucede en el sitio de reconocimiento de miARN, y formándose el segmento hibridado al menos parcialmente en el sitio de reconocimiento de miARN, y el segmento hibridado incluye una A, G, o C (pero no un U) en una posición correspondiente al extremo 5' del miARN maduro que se une de manera nativa al sitio de reconocimiento, pero no incluye desemparejamientos entre el ARN monocatenario y el sitio de reconocimiento de miARN en posiciones del sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 9, 10, u 11 (en dirección de 3' a 5') del miARN maduro, o inserciones en una posición en el ARN monocatenario en posiciones del sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 10 u 11 (en dirección de 3' a 5') del miARN maduro. La unión de dicho bloqueador de la escisión modificado en 5' al transcrito de gen diana da como resultado la inhibición de la supresión mediada por miARN de el al menos un gen diana, de este modo aumentando la expresión del gen diana (en relación a la expresión en ausencia del bloqueador de la escisión).

Un experto habitual en la materia reconoce fácilmente que diversos aspectos de los procedimientos de la presente invención incluyen construcciones de ADN recombinante análogas que se procesan para proporcionar ARN, incluyendo ARN monocatenario que sirve como un "bloqueador de la escisión de ARNpi", un "bloqueador de la escisión de ARNpi que actúa en *trans*", un "bloqueador de la escisión de ARN pequeño en fase", un "bloqueador de la escisión de ARNpi de transcrito antisentido natural", o un "bloqueador de la escisión de miARN de transcrito antisentido natural" (o, en términos generales, un "bloqueador de la escisión de ARN pequeño"), según si la escisión por ribonucleasa RNasa III que está inhibida está mediada por, respectivamente, un ARNpi, un ARNpi que actúa en *trans*, un ARN pequeño en fase, un ARNpi de transcrito antisentido natural, o un ARNpi de transcrito antisentido natural (o, en términos generales, cualquier ARN pequeño asociado con un complejo de silenciamiento, tal como RISC o una proteína Argonauta o similar a Argonauta). En estos casos, la formación del segmento hibridado resistente a la escisión por ribonucleasa RNasa III previene generalmente que el ARN pequeño respectivo se una al transcrito de gen diana y media la escisión por ribonucleasa RNasa III del transcrito. Lo más preferentemente, la unión de dicho bloqueante de la escisión de ARN pequeño al transcrito de gen diana da como resultado la inhibición de la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario, aumentando de este modo la expresión del gen diana (en relación a la expresión en ausencia del bloqueador de la escisión de ARN pequeño). Un experto habitual en la materia es capaz de idear una secuencia de nucleótidos para dicho ARN, incluyendo ARN

monocatenario que, tras la unión del transcrito de al menos un gen diana, forma un segmento hibridado que sea estable en condiciones fisiológicas y que sea resistente a la escisión por una ribonucleasa RNasa III, por ejemplo, (1) seleccionando una secuencia de nucleótidos que inhibe la unión de una proteína Argonauta o similar a Argonauta al segmento hibridado, tal como se describe por Mi y col. (2008) Cell, doi:10.1016/j.cell.2008.02.034; (2) seleccionando una secuencia de nucleótidos de tal forma que la diferencia en la energía libre ("AAG", véase Khvorova y col. (2003) Cell, 115, 209-216) entre las porciones del ARN monocatenario y el gen transcrito de gen diana que forma el segmento hibridado inhibe la asociación con un complejo de silenciamiento tal como RISC o una proteína Argonauta o similar a Argonauta; o (3) seleccionando una secuencia de nucleótidos de tal forma que los desemparejamientos o inserciones en un sitio de escisión por ribonucleasa RNasa III mediada por ARN potencial previene la escisión del transcrito. El conocimiento del gen diana en sí no es necesario, solo la secuencia de la secuencia de miARN maduro o de un precursor de miARN que se procese en el miARN maduro (o, como alternativa, el conocimiento de la secuencia del sitio de reconocimiento de miARN) en combinación con las enseñanzas de la presente solicitud, para identificar o diseñar un bloqueador de la escisión (o de un bloqueador de la escisión modificado en 5') para inhibir los efectos de silenciamiento génico de un miARN dado.

Se ha desvelado una estrategia para manipular una ruta regulada por miARN (véase la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 11/974.469 asignada conjuntamente, publicada como Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2009-0070898 A1, cuya divulgación incluye reglas para predecir o diseñar una secuencia señuelo de miARN) como un nuevo "señuelo" de miARN, una secuencia que puede reconocerse y unirse por un miARN maduro endógeno que da como resultado un emparejamiento de bases entre la secuencia señuelo de miARN y el miARN maduro endógeno, formando de este modo un dúplex de ARN estable que no se escinde debido a la presencia de desemparejamientos entre las secuencias señuelo de miARN y el miARN maduro.

Los ejemplos de la presente solicitud identifican específicamente dianas de miARN reconocidas por miARN concretos. Proporcionándose esta información y las enseñanzas del solicitante, un experto habitual en la materia sería capaz de diseñar y usar diversos procedimientos tal como se han descrito anteriormente, incluyendo procedimientos que hacen uso de una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (c) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (d) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (e) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN.

Inhibidores traduccionales

Una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, en la que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación del segmento hibridado) inhibe a traducción del transcrito. En este contexto, la expresión "inhibidor traduccional" se refiere generalmente al ARN, incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana, y más específicamente se refiere a la porción (o porciones) del ARN monocatenario que forma un segmento hibridado de ARN al menos parcialmente bicatenario con el transcrito. Los inhibidores traduccionales inhiben la traducción del transcrito, de este modo disminuyendo la expresión del gen diana (en relación a la expresión en ausencia de expresión de la construcción).

La unión del inhibidor traduccional es a una localización del ARNm que está completa o al menos parcialmente dentro de la secuencia codificante o en una localización tal que la formación del segmento hibridado interfiere con la traducción. En una realización, la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación del segmento hibridado) tiene lugar al menos parcialmente en la región 5' no traducida del transcrito; esta realización se prefiere normalmente en los casos donde el transcrito es de un gen diana de planta. En otra realización, la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación del segmento hibridado) tiene lugar al menos parcialmente en la región 3' no traducida del transcrito; esta realización se prefiere en los casos donde el transcrito es de un gen diana animal. En otra realización más, la unión del ARN monocatenario al transcrito sucede dentro o en las proximidades o en el codon de inicio del tapón 5', preferentemente previniendo el inicio de la traducción.

El segmento hibridado puede ser resistente a la escisión por la ribonucleasa RNasa III. En realizaciones preferidas, la longitud del segmento hibridado incluye entre aproximadamente 10 pares de bases a aproximadamente 50 pares de bases, aunque puede ser mayor de aproximadamente 50 pares de bases. En realizaciones preferidas (y

reconociendo que el segmento hibridado puede incluir nucleótidos que no están emparejados por bases), la longitud del segmento hibridado incluye entre aproximadamente 10 pares de bases a aproximadamente 50 pares de bases, tal como entre aproximadamente 10 a aproximadamente 20, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 30, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 40, o entre aproximadamente 10 a aproximadamente 50, o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 28, o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 25, o entre aproximadamente 18 a aproximadamente 23, o entre aproximadamente 20 a aproximadamente 30, o entre aproximadamente 20 a aproximadamente 40, o entre aproximadamente 20 a aproximadamente 50 pares de bases. En realizaciones preferidas, la longitud del segmento hibridado es de aproximadamente 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, aproximadamente 30, aproximadamente 34, aproximadamente 40, aproximadamente 45, o aproximadamente 50 pares de bases, en el que el segmento hibridado incluye opcionalmente nucleótidos adicionales que no están emparejados por bases y que no se cuentan en la longitud del segmento hibridado cuando esta se expresa en términos de pares de bases. En realizaciones particularmente preferidas, la longitud del segmento hibridado es de entre aproximadamente 18 a aproximadamente 28 pares de bases, es decir, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, o 28 pares de bases, en el que el segmento hibridado incluye opcionalmente nucleótidos adicionales que no están emparejados por bases y que no se cuentan en la longitud del segmento hibridado cuando esta se expresa en términos de pares de bases. Un experto en la materia es capaz de determinar qué número de nucleótidos no emparejados es aceptable para un segmento hibridado dado, es decir, que todavía permitirá la formación de un segmento hibridado que sea estable en condiciones fisiológicas y que sea resistente a la escisión por una ribonucleasa RNasa III.

Un experto habitual en la materia es capaz de idear una secuencia de nucleótidos para dicho ARN, incluyendo ARN monocatenario que, tras la unión del transcrito de al menos un gen diana, forma un segmento hibridado que sea estable en condiciones fisiológicas y que sea resistente a la escisión por una ribonucleasa RNasa III, por ejemplo, (1) seleccionando una secuencia de nucleótidos que inhibe la unión de una proteína Argonauta o similar a Argonauta al segmento hibridado, tal como se describe por Mi y col. (2008) Cell, doi:10.1016/j.cell.2008.02.034; (2) seleccionando una secuencia de nucleótidos de tal forma que la diferencia en la energía libre ("AAG", véase Khvorova y col. (2003) Cell, 115, 209-216) entre las porciones del ARN monocatenario y el gen transcrito de gen diana que forma el segmento hibridado inhibe la asociación con un complejo de silenciamiento tal como RISC o una proteína Argonauta o similar a Argonauta; o (3) seleccionando una secuencia de nucleótidos de tal forma que los desemparejamientos o inserciones en un sitio de escisión por ribonucleasa RNasa III mediada por ARN potencial previene la escisión del transcrito. En una realización particularmente preferida, la longitud del segmento hibridado incluye entre aproximadamente 19 a aproximadamente 50 pares de bases, el segmento hibridado incluye segmentos más pequeños de 9 o menos pares de bases contiguas perfectamente complementarias, y al menos un desemparejamiento o inserción es se encuentra entre cada par de los segmentos más pequeños.

PROCEDIMIENTOS PARA AUMENTAR LA EXPRESIÓN DE UN GEN DIANA

En otro aspecto, la presente invención proporciona un procedimiento para aumentar la expresión de un gen diana, que incluye expresar en una célula una construcción de ADN recombinante, es decir, una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado. La expresión *in vivo* en una célula de una construcción de ADN recombinante de la presente invención proporciona un ARN que funciona como un "bloqueador de la escisión".

El aumento de la expresión del gen diana puede lograrse mediante una construcción de ADN recombinante expresada en la célula que proporciona un bloqueador de la escisión: Por "expresar en una célula" se entiende llevar a cabo *in vivo* el proceso de la transcripción, así como cualquier etapa de procesamiento natural adicional necesaria para proporcionar el ARN, incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana.

La célula en la que se expresa la construcción de ADN recombinante es en muchas realizaciones una célula eucariota (tal como una célula vegetal, animal, hongo o protista), y en otras realizaciones es una célula procariota (tal como una célula bacteriana). El gen diana que tiene su expresión aumentada mediante el procedimiento de la presente invención no es necesariamente un gen endógeno de la célula en la que se expresa la construcción de ADN recombinante. Por ejemplo, la presente invención abarca un procedimiento que incluye expresar en células vegetales una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN que incluye ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana de una plaga o patógeno de la planta para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, aumentando de este modo la expresión del gen diana de la plaga o patógeno, cuando la construcción de ADN proporciona un bloqueador de la escisión. En los casos donde el gen diana no sea un gen endógeno de la célula en la que se transcribe la construcción de ADN recombinante (tal como en células de una planta), pueden tener lugar etapas de procesamiento adicionales bien en la célula donde tuvo lugar la transcripción, o en otras células (tal como en células de una plaga o patógeno de la planta).

En una realización del procedimiento, la construcción de ADN recombinante se expresa en una célula para proporcionar un ARN bloqueador de la escisión. En esta realización, la unión del ARN monocatenario al transcrito (y

la formación del segmento hibridado) inhibe la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario, aumentando de este modo la expresión del gen diana, en relación a la expresión en ausencia de expresión de la construcción.

5 Se cree que los microARN (miARN) regulan generalmente la expresión génica postranscripcionalmente en plantas dirigiendo la escisión específica de secuencia de ARN mensajeros ("ARNm"). Un aspecto de la presente invención es un procedimiento para controlar la velocidad de supresión postraducciona de un gen de planta que se transcribe en un ARNm que contiene un sitio de reconocimiento de miARN que normalmente se reconoce y se une por un miARN específico en complejo con Argonauta (Ago), seguido de la escisión del segmento hibridado de miARN/ARNm por una ribonucleasa RNasa III, tal como una ribonucleasa similar a Dicer. Este procedimiento
10 emplea una construcción de "bloqueador de la escisión" para expresar transgénicamente en la planta un ARN que incluye ARN monocatenario que se une al transcrito de ARNm del gen diana para formar un segmento hibridado de ARN al menos parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, en el que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación resultante del segmento hibridado) inhibe la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario. El ARN "bloqueador de la escisión" compite generalmente con miARN maduros endógenos, por la unión
15 con un ARNm que normalmente está regulado por ese miARN; el bloqueador de la escisión protege al ARNm de la escisión por el complejo miARN-Ago uniéndose al sitio diana de miARN en el ARNm para formar un segmento hibridado no escindible. Por lo tanto, un bloqueador de la escisión protege al sitio de escisión del ARNm (sitio de reconocimiento de miARN) de ser escindido por miARN y previene la regulación negativa de ese gen diana particular. Preferentemente, un bloqueador de la escisión aumenta la expresión del gen diana (en relación a su expresión en ausencia del bloqueador de la escisión). Este procedimiento permite la regulación de la expresión génica de un modo específico y es una alternativa útil a la regulación positiva del nivel de transcrito de un gen o de su proteína codificada mediante la sobreexpresión del gen.

25 Un aspecto de la presente invención es un procedimiento para proporcionar un bloqueador de la escisión mediante la generación del ARN monocatenario bloqueador de la escisión en la planta a partir de una "construcción bloqueadora de la escisión" basada en una secuencia similar a precursor de miARN recombinante. Una secuencia similar a precursor de miARN se crea colocando la secuencia bloqueadora de la escisión en el armazón de un transcrito primario de miARN, a la vez que se mantiene la estructura secundaria predicha en el pliegue del transcrito de tal forma que el transcrito resultante se procesa mediante ribonucleasas similares a Dicer en ARN monocatenario, que después es capaz de asociarse con el sitio de reconocimiento de miARN en el ARNm diana y de prevenir que se escinda el ARNm por un miARN maduro. La secuencia bloqueadora de la escisión se selecciona de tal modo que, tras la hibridación del bloqueador de la escisión al ARNm diana, se forma un segmento hibridado que incluye: (a) al menos un desemparejamiento entre el ARN monocatenario y el sitio de reconocimiento de miARN en posiciones del sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 9, 10, u 11 del miARN
30 maduro, o (b) al menos una inserción en una posición en el ARN monocatenario en posiciones del sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 10-11 del miARN maduro. En realizaciones especialmente preferidas, el ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana tiene una secuencia de nucleótidos para permitir que se forme un segmento hibridado de manera estable entre esta y el transcrito del gen diana, pero que inhibe la unión de una proteína Argonauta o similar a Argonauta al segmento hibridado, tal como se describe por Mi y col. (2008) Cell, doi:10.1016/j.cell.2008.02.034; por ejemplo, el ARN monocatenario tiene una secuencia de nucleótidos que incluye una A, G, o C (pero no un U) en una posición correspondiente al extremo 5' del miARN maduro que se une de manera nativa al sitio de reconocimiento. Para los
40 bloqueadores de la escisión expresados en plantas transgénicas, en muchas realizaciones hay también preferentemente un desemparejamiento entre el ARN monocatenario y el sitio de reconocimiento de miARN en la posición del sitio de reconocimiento de miARN correspondiente a las posiciones 1 del miARN maduro para prevenir que el efecto supresor sea transitorio.

Un procedimiento alternativo para generar un bloqueador de la escisión *in vivo* o en una planta es expresar ARN monocatenario corto a partir de un promotor fuerte, tales como los promotores Pol II o Pol III. Este ARN monocatenario incluye preferentemente una secuencia que es complementaria con el ARNm solo en el sitio de
50 reconocimiento de miARN. Debido a que la producción de un bloqueador de la escisión usando este procedimiento no requiere de la asociación del ARN con una proteína Argonauta o Ago, no son necesarios desemparejamientos en las posiciones 10 y 11.

Genes diana

55 La construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención puede diseñarse para que module la expresión de cualquier gen o genes diana. El gen diana puede ser secuencia traducible (codificante), o puede ser secuencia no codificante (tal como secuencia reguladora no codificante), o a ambos, y puede incluir al menos un gen seleccionado entre el grupo que consiste en un gen diana eucariota, un gen diana no eucariota, una secuencia de ADN precursora de miARN, y un promotor de microARN. El gen diana puede ser nativo (endógeno) para la célula (por ejemplo, una célula vegetal o animal) en la que se transcribe la construcción de ADN recombinante, o puede ser
60 nativo para una plaga o patógeno (o un simbiote de la plaga o patógeno) de la planta o animal en el que se transcribe la construcción de ADN recombinante. El gen diana puede ser un gen exógeno, tal como un transgén en una planta. Un gen diana puede ser un gen diana usado como diana para la supresión, con o sin la expresión

concurrente de un transgén exógeno, por ejemplo, incluyendo un elemento de expresión génica en la construcción de ADN recombinante, o en una construcción de ADN recombinante separada. Por ejemplo, puede ser deseable reemplazar un gen nativo con un homólogo transgénico exógeno.

5 El gen diana puede incluir un solo gen o parte de un solo gen que se use como diana para la supresión, o puede incluir, por ejemplo, múltiples segmentos consecutivos de un gen diana, múltiples segmentos no consecutivos de un gen diana, múltiples alelos de un gen diana, o múltiples genes diana de una o más especies. Un gen diana puede incluir cualquier secuencia de cualquier especie (incluyendo, pero sin limitación, no eucariotas, tales como bacterias y virus; hongos; plantas, incluyendo monocotiledóneas y dicotiledóneas, tales como plantas de cultivo, plantas ornamentales, y plantas no domesticadas o salvajes; invertebrados tales como artrópodos, anélidos, nematodos, y moluscos; y vertebrados tales como anfibios, peces, aves, mamíferos domésticos o salvajes, e incluso seres humanos.

15 En una realización, el gen diana es exógeno para la planta en la que se va a transcribir la construcción de ADN recombinante, pero endógeno para una plaga o patógeno (por ejemplo, virus, bacterias, hongos, oomicetos, e invertebrados tales como insectos, nematodos, y moluscos), o para un simbiote de la plaga o patógeno, de la planta. El gen diana puede incluir múltiples genes diana, o múltiples segmentos de uno o más genes. En una realización, el gen o genes diana es son un gen o genes de una plaga o patógeno invertebrado de la planta. Por lo tanto, una construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención puede transcribirse en una planta y usarse para modular la expresión de un gen de un patógeno o plaga que puede infestar a la planta. Estas realizaciones son particularmente útiles para proporcionar plantas transgénicas no naturales que tienen resistencia a una o más plagas o patógenos de plantas, por ejemplo, resistencia a un nematodo tal como el nematodo del quiste de la soja o nematodo del nudo de la raíz o a una plaga de insectos.

25 En los casos donde el gen diana sea de una plaga de invertebrado, la plaga de invertebrado es al menos uno o más invertebrados seleccionados del grupo que consiste en insectos, arácnidos (por ejemplo, ácaros), nematodos, moluscos (por ejemplo, babosas y caracoles), y anélidos, y puede incluir cualquier invertebrado asociado con una plaga de invertebrado en una relación simbiótica (por ejemplo, la relación mutualista entre algunas especies de hormigas y pulgones). El la expresión relación "simbiótica", tal como se usa en el presente documento, abarca simbiosis tanto facultativas (no obligadas) como obligadas en las que al menos una o más especies asociadas se beneficia, e incluye además relaciones mutualistas, comensalistas, y parasíticas. Los simbioses también incluyen simbioses no invertebrados, tales como procariontas y protistas eucariotas. Puede controlarse una plaga de invertebrado de manera indirecta dirigiéndose a un simbiote que está asociado, interna o externamente, con la plaga de invertebrado. Por ejemplo, se sabe que los simbioses procariontas aparecen en el intestino u otros tejidos de muchos invertebrados, incluyendo plagas de invertebrados de interés. Los ejemplos de simbioses diana asociados con una plaga de invertebrado incluyen las bacterias endosimbiontes de ácaros *Buchnera*; bacterias *Wolbachia* que infectan a muchos insectos; *Baumannia cicadellincola* y *Sulcia muelleri*, las bacterias co-simbióticas de la chicharrita de alas cristalinas (*Homalodisca coagulata*), que transmiten el patógeno de la enfermedad de Pierce *Xylella fastidiosa*; y endosimbiontes protistas eucariotas (flagelados) en las termitas. En una estrategia alternativa, puede modificarse la expresión de un gen diana endógeno de la plaga de invertebrado de tal modo que se controla un simbiote del invertebrado, a su vez afectando al invertebrado hospedador.

40 El gen diana puede ser secuencia traducible (codificante), o puede ser secuencia no codificante (tal como secuencia reguladora no codificante), o ambas. Los ejemplos de un gen diana incluyen secuencia no traducible (no codificante), tales como, pero sin limitación, regiones 5' no traducidas, promotores, potenciadores, u otras regiones transcripcionales no codificantes, regiones 3' no traducidas, terminadores, e intrones. Los genes diana incluyen genes que codifican microARN, ARN pequeño de interferencia, y otros ARN pequeños asociados con un complejo de silenciamiento (RISC) o una proteína Argonauta; componentes de ARN de ribosomas o ribozimas; ARN nucleolares pequeños; y otros ARN no codificantes. Los genes diana también pueden incluir genes que codifican factores de transcripción y genes que codifican enzimas implicadas en la biosíntesis o catabolismo de moléculas de interés (tales como, pero sin limitación, aminoácidos, ácidos grasos y otros lípidos, azúcares y otros hidratos de carbono, polímeros biológicos, y metabolitos secundarios incluyendo alcaloides, terpenoides, policétidos, péptidos no ribosómicos, y metabolitos secundarios de origen biosintético mixto).

50 En muchas realizaciones, el gen diana es un gen esencial de una plaga o patógeno de plantas (o de un simbiote de la plaga o patógeno). Los genes esenciales incluyen genes que son necesarios para el desarrollo de la plaga o patógeno hasta un estado adulto reproductivo fértil. Los genes esenciales incluyen genes que, cuando se silencian o suprimen, dan como resultado la muerte del organismo (en forma de un adulto o en cualquier estado del desarrollo, incluyendo gametos) o la incapacidad del organismo para reproducirse de manera satisfactoria (por ejemplo, esterilidad en un progenitor macho o hembra o letalidad para el cigoto, embrión, o larva). Se encuentra una descripción de los genes esenciales de nematodos, por ejemplo, en Kemphues, K. "Essential Genes" (24 de diciembre de 2005), WormBook, ed. The C. elegans Research Community, WormBook, doi/10.1895/wormbook.1.57.1, disponible en línea en www.wormbook.org. Hay públicamente disponible una descripción de genes de insecto en la base de datos de genoma de *Drosophila* (disponible en línea en flybase.bio.indiana.edu/), y se han identificado 438 genes esenciales para *Drosophila* como ejemplo representativo; véase Boutros y col. (2004) Science, 303:832-835, y material complementario disponible en línea en www.sciencemag.org/cgi/content/full/303/5659/832/DC1. Se proporciona una descripción de genes bacterianos y

fúngicos esenciales en la Base de datos de Genes Esenciales ("DEG", disponible en línea en tubic.tju.edu.cn/deg/). Los genes esenciales incluyen aquellos que influyen otros genes, donde el efecto general es la muerte de la plaga de invertebrado o la pérdida de la capacidad de la plaga de invertebrado para reproducirse de manera satisfactoria. En un ejemplo, la supresión del gen de caja homeostática de *Drosophila*, *Caudal*, da lugar en última instancia a la mortalidad del hospedador causada por el desequilibrio de la población bacteriana intestinal comensalista del insecto (Ryu y col. (2008) *Science*, 319:777-782) y por lo tanto, *Caudal*, así como los genes peptídicos antimicrobianos controlados directamente por *Caudal* se consideran ambos genes esenciales.

Las plagas de invertebrados incluyen, pero sin limitación, plagas de nematodos, plagas de moluscos (babosas y caracoles), plagas de anélidos, y plagas de insectos. Los fitopatógenos de interés incluyen hongos, oomicetos, bacterias (por ejemplo, las bacterias que causan el manchado de las hojas, fuego bacteriano, agalla de la corona, y la marchitez bacteriana), micoplasmas, y virus (por ejemplo, los virus que causan mosaicos, bandeo de venas, moteado, manchado, o crecimiento anormal). Véase también G. N. Agrios, "Plant Pathology" (Cuarta edición), Academic Press, San Diego, 1997, pág. 635, para descripciones de hongos, bacterias, micoplasmas (incluyendo micoplasmas y espiroplasmas), virus, nematodos, plantas superiores parasíticas, y protozoos flagelados, todos los cuales son plagas o patógenos de plantas de interés. Véase también la compilación actualizada de plagas y patógenos de plantas y las enfermedades causadas por estos en "Common Names of Plant Diseases" de la American Phytopathological Society, disponible en línea en www.apsnet.org/on-line/common/top.asp.

Los ejemplos de patógenos de planta fúngicos de interés particular incluyen, por ejemplo, los hongos que provocan el moho pulverulento, herrumbre, mancha y tizón foliar, podredumbre húmeda, podredumbre de raíces, podredumbre de la corona, podredumbre de la cápsula del algodón, cancro del tallo, cancro de la varilla, marchitez vascular, tizón, o moho, incluyendo, pero sin limitación, *Fusarium* spp., *Phakospora* spp., *Rhizoctonia* spp., *Aspergillus* spp., *Gibberella* spp., *Pyricularia* spp., y *Alternaria* spp., y las numerosas especies fúngicas proporcionadas en las tablas 4 y 5 de la Patente de Estados Unidos 6.194.636. Los ejemplos de patógenos de plantas incluyen patógenos clasificados anteriormente como hongos, pero clasificados más recientemente como oomicetos. Los ejemplos específicos de patógenos de plantas oomicetos de interés particular incluyen miembros del género *Pythium* (por ejemplo, *Pythium aphanidermatum*) y *Phytophthora* (por ejemplo, *Phytophthora infestans*, *Phytophthora sojae*.) y organismos que provocan el mildiu (por ejemplo, *Peronospora farinosa*).

Los ejemplos de plagas de invertebrados incluyen nematodos de quistes *Heterodera* spp. especialmente el nematodo del quiste de la soja *Heterodera glycines*, nematodos del nudo de la raíz *Meloidogyne* spp., gusanos de la raíz del maíz (*Diabrotica* spp.), *Lygus* spp., pulgones e insectos chupadores de savia similares, tales como la filoxera (*Daktulosphaira vitifoliae*), perforadores del maíz, gusanos cortadores, gusanos soldado, saltahojas, escarabajos japoneses, saltamontes, y otras plagas de coleópteros, dípteros, y lepidópteros.

Los ejemplos específicos de genes diana adecuados también incluyen genes implicados en la síntesis de aminoácidos o de ácidos grasos, su almacenamiento, o catabolismo, genes implicados en rutas de biosíntesis de múltiples etapas, donde puede ser interesante regular el nivel de uno o más intermedios; y genes que codifican proteínas de control del ciclo celular. Los genes diana pueden incluir genes que codifican proteínas no deseadas (por ejemplo, alérgenos o toxinas) o las enzimas para la biosíntesis de compuestos no deseados (por ejemplo, componentes de sabor u olor no deseados).

La construcción de ADN recombinante puede diseñarse para modular de manera más específica la expresión del gen diana, por ejemplo, diseñando la construcción de ADN recombinante para que incluya ADN que se someta a procesamiento en ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito del gen diana, en el que el ARN monocatenario incluye una secuencia de nucleótidos sustancialmente no idéntica (o no complementaria) a una secuencia de gen no diana (y por lo tanto es menos probable que se una a un transcrito de gen no diana). En un ejemplo, la construcción de ADN recombinante se diseña para que suprima un gen diana que es un gen endógeno para una sola especie (por ejemplo, el gusano de la raíz del maíz occidental, *Diabrotica virgifera virgifera* LeConte) pero para no suprimir un gen no diana, tales como genes de especies relacionadas, incluso estrechamente relacionadas (por ejemplo, el gusano de la raíz del maíz del norte, *Diabrotica barberi* Smith y Lawrence, o el gusano de la raíz del maíz del sur, *Diabrotica undecimpunctata*). En otras realizaciones, la construcción de ADN recombinante se diseña para modular la expresión de una secuencia de gen diana común a múltiples especies en las que se va a silenciar el gen. Por ejemplo, puede seleccionarse una construcción de ADN recombinante para modular un gen diana del gusano de la raíz del maíz para que sea específico para todos los miembros del género *Diabrotica*. En un ejemplo adicional de esta realización, dicha construcción de ADN recombinante dirigida a *Diabrotica* puede seleccionarse de tal forma que no se dirija a cualquier secuencia génica de especies de insectos beneficiosas.

55 Promotores

En general, la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluye un promotor, funcional en la célula en la que se pretende transcribir la construcción, y unido operativamente al ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana. En varias realizaciones, el promotor se selecciona entre el grupo que consiste en un promotor constitutivo, un promotor específico espacialmente, un promotor específico temporalmente, un promotor específico del desarrollo, y

un promotor inducible.

Los promotores no constitutivos adecuados para su uso con las construcciones de ADN recombinante para su uso en la invención incluyen promotores específicos espacialmente, promotores específicos temporalmente, y promotores inducibles. Los promotores específicos espacialmente pueden incluir promotores específicos de orgánulo, célula, tejido u órgano (por ejemplo, un promotor específico de plástido, específico de raíz, específico de polen o específico de semilla para suprimir la expresión del primer ARN diana en plástidos, raíces, polen, o semillas, respectivamente). En muchos casos, es especialmente útil un promotor específico de semilla, específico de embrión, específico de aleurona o específico de endospermo. Los promotores específicos temporalmente pueden incluir promotores que tiendan a promover la expresión durante determinadas etapas del desarrollo en el ciclo de crecimiento de una planta, o durante diferentes tiempos del día o la noche, o en diferentes estaciones del año. Los promotores inducibles incluyen promotores inducidos por agentes químicos o por condiciones ambientales tales como, pero sin limitación, estrés biótico o abiótico (por ejemplo, déficit de agua o sequía, calor, frío, altos o bajos niveles de nutrientes o sales, altos o bajos niveles de luz, o infección por una plaga o patógeno). Son particularmente interesantes los promotores de microARN, especialmente aquellos que tengan un patrón específico temporalmente, específico espacialmente, o de expresión inducible; los ejemplos de promotores de miARN, así como de los procedimientos para identificar promotores de miARN que tengan patrones de expresión específicos, se proporcionan en las Publicaciones de Patente de Estados Unidos 2006/0200878, 2007/0199095, y 2007/0300329. Un promotor específico de expresión también puede incluir promotores que se expresan generalmente de manera constitutiva pero con diferentes grados o "fuerzas" de expresión, incluyendo promotores considerados comúnmente como "promotores fuertes" o como "promotores débiles".

Los promotores de particular interés incluyen los siguientes ejemplos: un promotor de opalina sintasa aislado de ADN-T de *Agrobacterium*; un promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor; elementos promotores potenciados o elementos promotores quiméricos, tales como un promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV) potenciado unido a un elemento potenciador (un intrón de la proteína 70 de choque térmico de *Zea mays*); promotores específicos de raíz, tales como aquellos desvelados en las Patentes de Estados Unidos 5.837.848; 6.437.217 y 6.426.446; un promotor de oleosina L3 de maíz, desvelado en la Patente de Estados Unidos 6.433.252; un promotor para un gen nuclear de una planta que codifica una aldolasa localizada en plástido desvelado en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2004/0216189; promotores inducibles por frío desvelados en la Patente de Estados Unidos 6.084.089; promotores inducibles por sal desvelados en la Patente de Estados Unidos número 6.140.078; promotores inducibles por luz desvelados en la Patente de Estados Unidos 6.294.714; promotores inducibles por patógenos desvelados en la Patente de Estados Unidos 6.252.138; y promotores inducibles por déficit de agua desvelados en la Publicación de Solicitud de patente de Estados Unidos 2004/0123347 A1.

Los promotores específicos de vasculatura o de floema de plantas de interés incluyen un promotor rolC o rolA de *Agrobacterium rhizogenes*, un promotor de un gen 5 de ADN-T de *Agrobacterium tumefaciens*, el promotor génico RSs1 de sacarosa sintasa de arroz, un promotor de badnavirus del moteado amarillo de Commelina, un promotor del virus del decaimiento foliar del coco, un promotor de virus baciliforme del tungro del arroz, el promotor de un gen GS3A de glutamina sintasa del guisante, uno de los promotores invCD111 e invCD141 de los genes de invertasa de la patata, un promotor aislado de *Arabidopsis* que se haya demostrado que tenga expresión específica en floema por Kertbundit y col. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 88:5212-5216, una región promotora VAHOX1, un promotor génico de invertasa de la pared celular del guisante, un promotor génico de invertasa ácida de la zanahoria, un promotor del gen Sultr1 3 de transportador de sulfato, un promotor de un gen de sacarosa sintasa de una planta, y un promotor de un gen de transportador de sacarosa de una planta.

Los promotores adecuados para su uso con una construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluyen promotores de polimerasa II ("pol II") y promotores de polimerasa III ("pol III"). La ARN polimerasa II transcribe ARN estructurales o catalíticos que normalmente son más cortos de 400 nucleótidos de longitud, y reconoce una sola serie de restos de T como señal de terminación; se ha usado para transcribir dúplex de ARNpi (véase, por ejemplo, Lu y col. (2004) Nucleic Acids Res., 32:e171). Por lo tanto se prefieren los promotores de Pol II en determinadas realizaciones donde se va a producir un transcrito de ARN corto a partir de una construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención. En una realización, la construcción de ADN recombinante incluye un promotor de pol II para expresar un transcrito de ARN flanqueado por secuencias de ribozima autoescindibles (por ejemplo, ribozimas cabeza de martillo autoescindibles), que da como resultado un ARN procesado, incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana, con extremos 5' y 3' definidos, libres de secuencias flanqueante que puedan interferir de manera potencial. Una estrategia alternativa emplea promotores de pol III para generar transcritos con extremos 5' y 3' relativamente definidos, es decir, para transcribir un ARN con secuencias flanqueantes 5' y 3' mínimas. En algunas realizaciones, se prefieren promotores de pol III (por ejemplo, los promotores U6 o H1) para añadir un sitio de transcripción corto rico en AT que da como resultado salientes de 2 pares de bases (UU) en el ARN transcrito; esto es útil, por ejemplo, para la expresión de construcciones de tipo ARNpi. Se ha comunicado el uso de promotores de pol III para dirigir la expresión de construcciones de ARNpi; véase van de Wetering y col. (2003) EMBO Rep., 4: 609-615, y Tuschl (2002) Nature Biotechnol., 20: 446-448.

El elemento promotor puede incluir secuencias de ácido nucleico que no son promotores, elementos promotores u

homólogos de los mismos de origen natural pero que pueden regular la expresión de un gen. Los ejemplos de dichas secuencias reguladoras "independientes de un gen" incluyen secuencias de ARN de origen natural o diseñadas artificialmente que incluyen una región o aptámero de unión a ligando (véase "Aptámeros", más adelante) y una región reguladora (que puede actuar en cis). Véase, por ejemplo, Isaacs y col. (2004) *Nat. Biotechnol.*, 22:841-847, Bayer y Smolke (2005) *Nature Biotechnol.*, 23:337-343, Mandal y Breaker (2004) *Nature Rev. Mol. Cell Biol.*, 5:451-463, Davidson y Ellington (2005) *Trends Biotechnol.*, 23:109-112, Winkler y col. (2002) *Nature*, 419:952-956, Sudarsan y col. (2003) *RNA*, 9:644-647, y Mandal y Breaker (2004) *Nature Struct. Mol. Biol.*, 11:29-35. Dichos "riborreguladores" pueden seleccionarse o diseñarse respecto de su especificidad espacial o temporal, por ejemplo, para regular la traducción del ADN que se somete a procesamiento en un ARN, incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana solo en presencia (o ausencia) de una concentración dada del ligando adecuado. Un ejemplo es un riborregulador que responde a un ligando endógeno (por ejemplo, ácido jasmónico o ácido salicílico) producido por la planta cuando se somete a estrés (por ejemplo, estrés abiótico, tal como estrés hídrico, temperatura, o de nutrientes, o estrés biótico, tal como el ataque por plagas o patógenos); cuando se somete a estrés, el nivel de ligando endógeno aumenta hasta un nivel suficiente para que el biorregulador comience la transcripción del ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana.

Aptámeros

En algunas realizaciones, la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluye ADN que se procesa en un aptámero de ARN, es decir, un ARN que se une a un ligando mediante un mecanismo de unión que no está basado principalmente en el emparejamiento de bases de Watson-Crick (al contrario, por ejemplo, del emparejamiento de bases que sucede entre hebras de ácido nucleico complementarias, antiparalelas para formar una estructura de ácido nucleico bicatenaria). Véase, por ejemplo, Ellington y Szostak (1990) *Nature*, 346:818-822. Pueden encontrarse ejemplos de aptámeros, por ejemplo, en la Base de datos de Aptámeros pública, disponible en línea en aptamer.icmb.utexas.edu (Lee y col. (2004) *Nucleic Acids Res.*, 32(1):D95-100). Los aptámeros útiles en la invención pueden, sin embargo, ser monovalentes (uniéndose a un solo ligando) o multivalentes (uniéndose a más de un ligando individual, por ejemplo, que se unen a una unidad de dos o más ligandos diferentes).

Los ligandos útiles en la invención incluyen cualquier molécula (o parte de una molécula) que pueda reconocerse y unirse por una estructura secundaria de ácido nucleico mediante un mecanismo no basado principalmente en el emparejamiento de bases de Watson-Crick. De este modo, el reconocimiento y unión de ligando y aptámero es análogo al de un antígeno y un anticuerpo, o al de efector y receptor biológico. Los ligandos pueden incluir moléculas individuales (o partes de una molécula), o una combinación de dos o más moléculas (o partes de una molécula), y pueden incluir uno o más complejos macromoleculares (por ejemplo, polímeros, bicapas lipídicas, liposomas, membranas celulares u otras estructuras celulares, o superficies celulares). Los ejemplos de ligandos específicos incluyen vitaminas, tales como la coenzima B₁₂ y el pirofosfato de tiamina, mononucleótido de flavina, guanina, adenosina, S-adenosilmetionina, S-adenosilhomocisteína, coenzima A, lisina, tirosina, dopamina, glucosamina-6-fosfato, cafeína, teofilina, antibióticos, tales como cloranfenicol y neomicina, herbicidas tales como glifosato y dicamba, proteínas, incluyendo proteínas de la envuelta de virus o fagos y proteínas de la superficie epidérmica o tracto digestivo de invertebrados, y ARN que incluyen ARN viral, ATN transferente (ARNt), ARN ribosomal (ARNr), y ARN polimerasas, tales como ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRP). Una clase de aptámeros de ARN útiles en la invención son los "termointerruptores" que no se unen a un ligando pero que responden termalmente, es decir, la conformación del aptámero se determina por la temperatura; véase, por ejemplo, Caja 3 en Mandal y Breaker (2004) *Nature Rev. Mol. Cell Biol.*, 5:451-463.

Unidades de transcripción de transgén

En algunas realizaciones, la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluye una unidad de transcripción de transgén. Una unidad de transcripción de transgén incluye secuencia de ADN que codifica un gen de interés, por ejemplo, una proteína natural o una proteína heteróloga. Un gen de interés puede ser cualquier secuencia codificante o no codificante de cualquier especie (incluyendo, pero sin limitación, no eucariotas, tales como bacterias y virus; hongos, protistas, plantas, invertebrados, y vertebrados). Los genes de interés incluyen aquellos genes también descritos anteriormente como genes diana, con el encabezado "Genes diana". La unidad de transcripción del transgén puede incluir además una secuencia 5' o 3' o ambas, según se requiera para la transcripción del transgén.

Intrones

En algunas realizaciones, la construcción de ARN recombinante para su uso en la presente invención incluye ADN que codifica un intrón que puede cortarse y empalmarse. Por "intrón" se entiende generalmente un segmento de ADN (o el ARN transcrito a partir de dicho segmento) que se localiza entre exones (segmentos codificantes de proteína del ADN o del ARN transcrito correspondiente), en el que, durante la maduración del ARN mensajero, el intrón se "corta" o elimina enzimáticamente de la hebra de ARN mediante un proceso de escisión/ligadura que sucede en el núcleo de eucariotas. El término "intrón" también se aplica a secuencias de ADN no codificantes que se transcriben a segmentos de ARN que pueden cortarse de un transcrito de ARN en maduración, pero no son intrones

encontrados entre exones codificantes de proteínas. Un ejemplo de estos son secuencias que se pueden cortar y empalmar que tienen la capacidad para potenciar la expresión en plantas (en algunos casos, especialmente en monocotiledóneas) de una secuencia codificante cadena abajo; estas secuencias que pueden cortarse y empalmarse se localizan naturalmente en la región 5' no traducida de algunos genes de plantas, así como en algunos genes virales (por ejemplo, la secuencia líder 5' del virus del mosaico del tabaco o el líder "omega" descrito como potenciador de la expresión en genes de plantas por Gallie y Walbot (1992) *Nucleic Acids Rev.*, 20:4631-4638). Estas secuencias que pueden cortarse y empalmarse o "intrones potenciadores de la expresión" pueden insertarse de manera artificial en la región 5' no traducida de un gen de planta entre el promotor pero antes de cualquier exón codificante de proteína. Los ejemplos de dichos intrones potenciadores de la expresión incluyen, pero sin limitación, una alcohol deshidrogenasa de maíz (*Zm-Adh1*), un intrón potenciador de la expresión Bronce-1 de maíz, un intrón de actina 1 de arroz (*Os-Act1*), un intrón Shrunken-1 (*Sh-1*), un intrón de sacarosa sintasa de maíz, un intrón de proteína 18 de choque térmico (*hsp18*), y un intrón de proteína de choque térmico de 82 kilo Dalton (*hsp82*). Las Patentes de Estados Unidos 5.593.874 y 5.859.347, describen procedimientos para mejorar construcciones de ADN recombinante para su uso en plantas mediante la inclusión de un intrón potenciador de la expresión procedente de la proteína de choque térmico del maíz de 70 kilo Dalton (*hsp70*) en el líder no traducido situado en 3' respecto del promotor génico y en 5' respecto del primer exón codificante de proteína.

Ribozimas

En algunas realizaciones, la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluye ADN que codifica una o más ribozimas. Las ribozimas de particular interés incluyen una ribozima autoescisora, una ribozima de cabeza de martillo, o una ribozima de horquilla. En una realización, la construcción de ADN recombinante incluye ADN que codifica una o más ribozimas que sirven para escindir el ARN transcrito para proporcionar segmentos de ARN definidos, tales como el ARN monocatenario que se une al transcrito de gen diana.

Recombinasas

En algunas realizaciones, la construcción de ADN para su uso en la presente invención incluye ADN que codifica uno o más sitios de reconocimiento de recombinasa de sitio específico. En una realización, la construcción de ADN recombinante incluye al menos un par de sitios loxP, en los que la recombinación de sitio específico de ADN entre los sitios de loxP está mediada por una recombinasa Cre. La posición y la orientación relativa de los sitios de loxP se seleccionan para lograr la recombinación deseada; por ejemplo, cuando los sitios de loxP están en la misma orientación, el ADN entre los sitios de loxP se corta en forma circular. En otra realización, la construcción de ADN recombinante incluye ADN que codifica un sitio de loxP; en presencia de recombinasa Cre y otro ADN con un sitio de loxP, se recombinan los dos ADN.

Elementos de supresión génica

En algunas realizaciones, la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluye ADN que codifica un elemento de supresión génica. Los elementos de supresión génica incluyen cualquier secuencia de ADN (o secuencia de ARN codificada por la misma) diseñada para suprimir específicamente un gen o genes de interés, que puede ser un gen endógeno para la célula en la que se transcribe la construcción de ADN recombinante, o un gen exógeno para esa célula. El gen que se va a suprimir puede ser cualquiera de aquellos desvelados como genes diana en el encabezado "Genes diana".

Los elementos de supresión génica adecuados se describen en detalle en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2006/0200878 e incluyen uno o más de:

- (a) ADN que incluye al menos un segmento de ADN antisentido que es antisentido para al menos un segmento del gen que se va a suprimir;
- (b) ADN que incluye múltiples copias de al menos un segmento de ADN antisentido que es antisentido para al menos un segmento del gen que se va a suprimir;
- (c) ADN que incluye al menos un segmento de ADN con sentido que es al menos un segmento del gen que se va a suprimir;
- (d) ADN que incluye múltiples copias de al menos un segmento de ADN con sentido que es al menos un segmento del gen que se va a suprimir;
- (e) ADN que se transcribe en ARN para suprimir el gen que se va a suprimir formando ARN bicatenario e incluye al menos un segmento de ADN antisentido que es antisentido para al menos un segmento del gen que se va a suprimir y al menos un segmento de ADN con sentido que es al menos un segmento del gen que se va a suprimir;
- (f) ADN que se transcribe en ARN para suprimir el gen que se va a suprimir formando un solo ARN bicatenario e incluye múltiples segmentos antisentido en serie que son antisentido para al menos un segmento del gen que se va a suprimir y múltiples segmentos de ADN con sentido en serie que son al menos un segmento del gen que se va a suprimir;
- (g) ADN que se transcribe en ARN para suprimir el gen que se va a suprimir formando múltiples dobles cadenas de ARN e incluye múltiples segmentos de ADN antisentido que son antisentido para al menos un segmento del gen que se va a suprimir y múltiples segmentos de ADN con sentido que son al menos un segmento del gen que

se va a suprimir, y en los que los múltiples segmentos de ADN antisentido y los múltiples segmentos de ADN con sentido están dispuestos en una serie de repeticiones invertidas;

(h) ADN que incluye nucleótidos procedentes de un miARN de planta;

(i) ADN que incluye nucleótidos de ARNpi;

5 (j) ADN que se transcribe en un aptámero de ARN capaz de unirse a un ligando; y

(k) ADN que se transcribe en un aptámero de ARN capaz de unirse a un ligando, y ADN que se transcribe en ARN regulador capaz de regular la expresión del gen que se va a suprimir, en el que la regulación es dependiente de la conformación del ARN regulador, y la conformación del ARN regulador está afectada alostéricamente por el estado de unión del aptámero de ARN.

10 En algunas realizaciones, se usa un intrón para administrar un elemento de supresión génica en ausencia de cualquier exón codificante de proteína (secuencia codificante). En un ejemplo, un intrón, tal como un intrón potenciador de la expresión (preferido en determinadas realizaciones), se interrumpe introduciendo en el intrón un elemento de supresión génica, en el que, tras la transcripción, el elemento de supresión génica se corta del intrón. Por lo tanto, no son necesarios exones codificantes de proteínas para proporcionar la función de supresión génica de las construcciones de ADN recombinantes desveladas en el presente documento.

Elementos reguladores de la transcripción

En algunas realizaciones, la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención incluye ADN que codifica un elemento regulador de la transcripción. Los elementos reguladores de la transcripción incluyen elementos que regulan el nivel de expresión de la construcción de ADN recombinante para su uso en la presente invención (en relación a su expresión en ausencia de dichos elementos reguladores). Los ejemplos de elementos reguladores de la transcripción adecuados incluyen ribointerruptores (que actúan en *cis* o en *trans*), secuencias estabilizadoras de transcritos, y sitios de reconocimiento de miARN, tal como se describen en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2006/0200878.

Producción y uso de construcciones de ADN recombinante

25 Las construcciones de ADN recombinante para su uso en la presente invención se producen mediante cualquier procedimiento adecuado para la aplicación prevista, teniendo en cuenta, por ejemplo, el tipo de expresión deseado y la conveniencia de uso en la planta en la que se va a transcribir la construcción. Los procedimientos generales para producir y usar construcciones y vectores de ADN se conocen bien en la técnica y se describen en detalle en, por ejemplo, guías y manuales de laboratorio incluyendo Sambrook y Russell, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual" (tercera edición), Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, 2001. Un ejemplo de tecnología útil para construir construcciones y vectores de ADN para transformación se desvela en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2004/0115642 A1. Las construcciones de ADN también pueden construirse usando la tecnología de clonación GATEWAY™ (disponible a través de Invitrogen Life Technologies, Carlsbad, CA), que usa la reacción de clonación de recombinasa LR de sitio específico del sistema integrasa/att de la construcción de vector de bacteriófago lambda, en lugar de endonucleasas y ligasas de restricción. La reacción de clonación LR se desvela en las Patentes de Estados Unidos 5.888.732 y 6.277.608, y en las Publicaciones de Patente de Estados Unidos 2001/283529, 2001/282319 y 2002/0007051. Otro procedimiento de fabricación de un vector alternativo emplea clonación independiente de ligadura tal como se desvela por Aslandis y col. (1990) Nucleic Acids Res., 18:6069-6074 y Rashtchian y col. (1992) Biochem., 206:91-97, donde se liga un fragmento de ADN con extremos 5' y 3' monocatenarios en un vector deseado que puede amplificarse *in vivo*.

En determinadas realizaciones,, la secuencia de ADN de la construcción de ADN recombinante incluye secuencia que se ha optimizado por codones para la planta en la que se va a expresar la construcción de ADN recombinante. Por ejemplo, una construcción de ADN recombinante que se va a expresar en una planta puede tener la totalidad o parte de su secuencia (por ejemplo, el primer elemento de supresión génica o el elemento de expresión génica) optimizada por codones para la expresión en una planta mediante procedimientos conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos 5.500.365 para una descripción de la metodología de optimización por codones para plantas; véase también De Amicis y Marchetti (2000) Nucleic Acid Res., 28:3339-3346.

CÉLULAS VEGETALES, PLANTAS Y SEMILLAS TRANSGÉNICAS NO NATURALES

50 En otro aspecto, los procedimientos de la invención usan una célula vegetal transgénica no natural que tiene en su genoma una construcción de ADN recombinante que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado. Los procedimientos de la invención usan además una planta transgénica no natural que incluye la célula vegetal transgénica no natural. En una realización, la planta transgénica no natural está compuesta completamente de tejido transgénico. En otra realización, la planta no natural es una planta parcialmente transgénica e incluye tejido no transgénico; en un ejemplo, la planta transgénica parcialmente no natural incluye un vástago y un rizoma transgénico que incluye la célula vegetal transgénica no natural. Además, la presente invención proporciona procedimientos que usan semillas transgénicas no naturales que incluyen la célula vegetal transgénica no natural.

Una planta transgénica no natural incluye plantas en cualquier estado de desarrollo, e incluye una planta regenerada no natural preparada a partir de las células vegetales transgénicas no naturales desveladas en el presente documento, o una planta descendiente no natural (que puede ser una planta descendiente pura o híbrida) de la planta regenerada, o semilla de dicha planta transgénica no natural. También se proporciona una semilla transgénica no natural que tiene en su genoma una construcción de ADN recombinante tal como se ha descrito anteriormente. Las células vegetales transgénicas no naturales, plantas transgénicas, y semillas transgénicas tal como se han descrito anteriormente se producen mediante procedimientos bien conocidos en la técnica, tal como se describe más adelante en el encabezado "Producción y uso de células vegetales transgénicas y plantas transgénicas".

La célula vegetal transgénica no natural puede incluir una célula vegetal aislada (por ejemplo, células vegetales individuales o células cultivadas en o sobre un medio de cultivo artificial), o puede incluir una célula vegetal en tejido no diferenciado (por ejemplo, callo o cualquier agregación de células vegetales). La célula vegetal transgénica no natural puede incluir una célula vegetal en al menos un tejido diferenciado seleccionado entre el grupo que consiste en hoja (por ejemplo, peciolo y lámina), raíz, tallo (por ejemplo, tubérculo, rizoma, estolón, bulbo, y cormo) tallo (por ejemplo, xilema, floema), madera, semilla, fruto, y flor (por ejemplo, estambre, filamento, antera, polen, microespora, carpelo, pistilo, ovario, óvulos). La célula vegetal transgénica no natural o la planta transgénica no natural descrita anteriormente puede transformarse de manera estable, por ejemplo, plantas transgénicas fértiles y su semilla transgénica no natural que también contiene la construcción recombinante descrita anteriormente.

En algunas realizaciones de la presente invención, los procedimientos usan una planta no natural que es una planta transgénica no natural. En dichas realizaciones, todas las células (con la posible excepción de células haploides) y tejidos de la planta no natural contienen la construcción de ADN recombinante descrita anteriormente. En otras realizaciones, la planta no natural es parcialmente transgénica, e incluye tejido natural no transgénico (por ejemplo, tejido transgénico no natural injertado en tejido no transgénico natural). En una realización, la planta no natural incluye un vástago no transgénico y un rizoma transgénico no natural que incluye a la célula vegetal transgénica, en la que el vástago no transgénico y el rizoma transgénico se injertan juntos. Dichas realizaciones son particularmente útiles en los casos donde la planta sea una que se cultive comúnmente de manera vegetativa en forma de un vástago injertado en un rizoma (en el que el vástago y el rizoma pueden ser de la misma especie o variedad o de diferentes especies o variedades); los ejemplos incluyen uvas, manzanas, peras, membrillos, aguacates, cítricos, frutas con hueso, kiwi, rosas, y otras plantas de importancia agrícola u ornamental. Las realizaciones reivindicadas específicamente incluyen realizaciones en las que (a) la planta transgénica parcialmente no natural incluye un vástago de uva no transgénico natural y un rizoma de uva transgénico no natural; y (b) la planta parcialmente transgénica no natural incluye un vástago de árbol frutal transgénico no natural (por ejemplo, peral) y un rizoma de árbol frutal transgénico no natural (por ejemplo, membrillo).

Producción y uso de células vegetales transgénicas y de plantas transgénicas

En los casos donde se usa una construcción de ADN recombinante para producir una célula vegetal, planta o semilla transgénica no natural, la transformación puede incluir cualquiera de los procedimientos y composiciones bien conocidos y demostrados. Los procedimientos adecuados para la transformación de plantas incluyen virtualmente cualquier procedimiento mediante el cual pueda introducirse ADN en una célula. Un procedimiento para la transformación de plantas es el bombardeo con microproyectiles, por ejemplo, tal como se ilustra en las patentes de Estados Unidos 5.015.580 (soja), 5.538.880 (maíz), 5.550.318 (maíz), 5.550.318 (soja), 6.153.812 (trigo), 6.160.208 (maíz), 6.288.312 (arroz), 6.365.807 (arroz), y 6.399.861 (maíz), y 6.403.865 (maíz) para permitir la producción de plantas transgénicas.

Otro procedimiento adecuado de transformación de plantas es la transformación mediada por *Agrobacterium* mediante *Agrobacterium* que contiene un sistema de plásmido Ti binario, en el que el *Agrobacterium* porta un primer plásmido Ti y un segundo plásmido quimérico que contiene al menos un borde de ADN-T de un plásmido Ti de tipo silvestre, un promotor funcional en la célula vegetal transformada y unido operativamente a una construcción de supresión génica descrita anteriormente. Véase, por ejemplo, el sistema binario descrito en la Patente de Estados Unidos 5.159.135. Véase también De Framond (1983) *Biotechnology*, 1:262-269; y Hoekema y col., (1983) *Nature*, 303:179. En dicho sistema binario, el plásmido menor, que contiene el borde o bordes de ADN-T, puede construirse y manipularse de manera conveniente en un hospedador alternativo adecuado, tal como *E. coli*, y después transferirse a *Agrobacterium*.

Los procedimientos detallados para la transformación de plantas mediada por *Agrobacterium*, especialmente de plantas de cultivo, incluyen los procedimientos desvelados en las Patentes de Estados Unidos 5.004.863, 5.159.135, y 5.518.908 (algodón); 5.416.011, 5.569.834, 5.824.877 y 6.384.301 (soja); 5.591.616 y 5.981.840 (maíz); 5.463.174 (brassicáceas, incluyendo colza), 7.026.528 (trigo), y 6.329.571 (arroz), y en las Publicaciones de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2004/0244075 (maíz) y 2001/0042257 A1 (remolacha azucarera) para permitir la producción de plantas transgénicas. Se han comunicado procedimientos similares para muchas especies vegetales, tanto dicotiledóneas como monocotiledóneas, incluyendo, entre otras, cacahuete (Cheng y col. (1996) *Plant Cell Rep.*, 15: 653); espárrago (Bytebier y col. (1987) *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 84:5345); cebada (Wan y Lemaux (1994) *Plant Physiol.*, 104:37); arroz (Toriyama y col. (1988) *Bio/Technology*, 6:10; Zhang y col. (1988) *Plant Cell Rep.*, 7:379; trigo (Vasil y col. (1992) *Bio/Technology*, 10:667; Becker y col. (1994) *Plant J.*, 5:299), alfalfa (Masoud y col. (1996)

Transgen. Res., 5:313); y tomate (Sun y col. (2006) Plant Cell Physiol., 47:426-431). Véase también una descripción de vectores, procedimientos de transformación, y de producción de plantas de *Arabidopsis thaliana* transformadas donde se expresan factores de transcripción de manera constitutiva por un promotor CaMV35S, en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2003/0167537 A1. Se conocen bien en la técnica diversos procedimientos de transformación de otras especies de plantas, véase, por ejemplo, la referencia enciclopédica, "Compendium of Transgenic Crop Plants", editado por Chittaranjan Kole y Timothy C. Hall, Blackwell Publishing Ltd., 2008; ISBN 978-1-405-16924-0 (disponible electrónicamente en mrw.interscience.wiley.com/emrw/9781405181099/hpt/toc), que describe procedimientos de transformación para cereales y hierbas de forraje (arroz, maíz, trigo, cebada, avena, sorgo, mijo perla, mijo africano, hierbas de forraje de estación fría, y pasto bahía), cultivos de semillas oleaginosas (soja, brasicáceas de semilla oleosa, girasol, cacahuete, lino, sésamo, y cártamo), granos y forrajes leguminosos (alubia común, caupí, guisante, haba, lenteja, frijol tépari, frijol asiático, guandul, arveja, garbanzo, lupino, alfalfa, y trébol), frutos y nueces templados (manzana, pera, melocotón, ciruela, cultivos de bayas, cerezas, uvas, aceituna, almendra, y nogal), frutos y nueves tropicales y subtropicales (cítricos, pomelo, banana y plátano, piña, papaya, mango, aguacate, kiwi, granadilla, y caqui), cultivos vegetales (tomate, berenjena, pimientos, brasicáceas vegetales, rábano, zanahoria, cucurbitáceas, alliums, espárrago, y vegetales de hoja), cultivos de azúcar, tubérculos y fibra (caña de azúcar, remolacha azucarera, estevia, patata, batata, mandioca, y algodón), cultivos de plantación, ornamentales, y hierbas de césped (tabaco, café, cacao, té, árbol del caucho, plantas medicinales, ornamentales, y hierbas de césped), y especies de árboles forestales. Un experto habitual en la materia tiene diversas metodologías de transformación para la producción de plantas transgénicas estables.

Los procedimientos de transformación para proporcionar células vegetales transgénicas y plantas transgénicas que contengan ADN recombinante integrado de manera estable se ponen en práctica preferentemente en cultivo tisular en medio y en un ambiente controlado. "Medio" se refiere a las numerosas mezclas de nutrientes que se usan para cultivar células *in vitro*, es decir, fuera del organismo vivo intacto. Las células diana receptoras incluyen, pero sin limitación, células meristemáticas, callos, embriones inmaduros o partes de embriones, y gametocitos, tales como microesporas, polen, esperma, y ovocitos. Cualquier célula a partir de la cual pueda regenerarse una planta fértil se contempla como una célula receptora útil. Pueden iniciarse callos a partir de diversas fuentes de tejido, incluyendo, pero sin limitación, embriones inmaduros o partes de embriones, meristemas apicales de plantas, microesporas, y similares. Aquellas células que son capaces de proliferar en forma de callo pueden servir como células receptoras para la transformación genética. Los procedimientos y materiales de transformación prácticos para producir plantas transgénicas (por ejemplo, diversos medios y células diana receptoras, transformación de embriones inmaduros, y la posterior regeneración de plantas transgénicas fértiles) se desvelan, por ejemplo, en las Patentes de Estados Unidos 6.194.636 y 6.232.526 y en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2004/0216189.

En la práctica de transformación general, se introduce ADN solo en un pequeño porcentaje de células diana en un solo experimento de transformación. Generalmente se usan genes marcadores para proporcionar un sistema eficaz para la identificación de aquellas células que se transforman de manera estable mediante la recepción e integración de una construcción de ADN transgénica en sus genomas. Los genes marcadores preferidos proporcionan marcadores de selección que confieren resistencia a un agente de selección, tal como un antibiótico o herbicida. Cualquiera de los antibióticos o herbicidas a los que puede ser resistente una planta pueden ser agentes de selección útiles. Las células potencialmente transformadas se exponen al agente de selección. En la población de células supervivientes se encontrarán aquellas células en donde, en general, se integra el gen que confiere resistencia y se expresa a niveles suficientes para permitir la supervivencia celular. Las células pueden ensayarse adicionalmente para confirmar la integración estable del ADN recombinante. Los genes marcadores de selección usados comúnmente incluyen aquellos que confieren resistencia a los antibióticos, tales como kanamicina o paromomicina (*nptII*), higromicina B (*aph IV*) y gentamicina (*aac3* y *aacC4*) o resistencia a herbicidas, tales como glufosinato (*bar* o *pat*) y glifosato (EPSPS). Los ejemplos de genes marcadores de selección y de agentes de selección útiles se ilustran en las Patentes de Estados Unidos 5.550.318, 5.633.435, 5.780.708, y 6.118.047. Los marcadores de exploración o indicadores, tales como marcadores que proporcionan una capacidad para identificar visualmente transformantes, también pueden emplearse. Los ejemplos de marcadores de exploración útiles incluyen, por ejemplo, un gen que expresa una proteína que produce un color detectable actuando sobre un sustrato cromogénico (por ejemplo, beta glucuronidasa (GUS) (*uidA*) o luciferasa (*luc*)) o que es detectable por sí mismo, tal como la proteína fluorescente verde (GFP) (*gfp*) o una molécula inmunogénica. Los expertos en la materia reconocerán que hay disponibles para su uso otros marcadores o indicadores útiles.

La detección o medición de la transcripción de la construcción de ADN recombinante en la célula vegetal transgénica puede lograrse mediante cualquier procedimiento adecuado, incluyendo procedimientos de detección de proteínas (por ejemplo, transferencias de Western, ELISA, y otros procedimientos inmunoquímicos), mediciones de la actividad enzimática, o procedimientos de detección de ácidos nucleicos (por ejemplo, transferencias de Southern, transferencias de Northern, PCR, RT-PCR, hibridación fluorescente *in situ*).

Otros procedimientos adecuados para detectar o medir la transcripción de la construcción de ADN recombinante en la célula vegetal transgénica incluye la medición de cualquier otro rasgo que sea una indicación directa o aproximada del nivel de expresión del gen diana en la célula vegetal transgénica en la que se transcribe la construcción de ADN recombinante, en relación al nivel de expresión en una en la que no se transcribe el ADN recombinante, por ejemplo, rasgos morfológicos evidentes o microscópicos, velocidades de crecimiento, rendimiento, velocidades reproductivas o de reclutamiento, resistencia a plagas o patógenos, o resistencia al estrés

biótico o abiótico (por ejemplo, estrés por déficit de agua, estrés salino, estrés de nutrientes, estrés por calor o frío). Dichos procedimientos pueden usar mediciones directas de un rasgo fenotípico o ensayos aproximados (por ejemplo, en plantas, estos ensayos incluyen ensayos con partes de plantas, tales como ensayos de hojas o raíces para determinar la tolerancia al estrés abiótico). Dichos procedimientos incluyen mediciones directas de resistencia a una plaga o patógeno invertebrado (por ejemplo, daño a tejidos vegetales) o ensayos aproximados (por ejemplo, ensayos de rendimiento de plantas, o bioensayos, tales como el bioensayo de larvas del gusano de la raíz del maíz occidental (*Diabrotica virgifera virgifera* LeConte) descrito en la Publicación de Solicitud de Patente Internacional WO2005/11006 A2 y en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos US 2006/0021087 A1 o el bioensayo del nematodo del quiste de la soja descrito por Steeves y col. (2006) *Funct. Plant Biol.*, 33:991-999, en el que se miden los quistes por planta, quistes por gramo de raíz, huevos por planta, huevos por gramo de raíz y huevos por quiste.

Las construcciones de ADN recombinante descritas anteriormente pueden agruparse con otros ADN recombinantes para conferir rasgos adicionales (por ejemplo, en el caso de plantas transformadas, rasgos que incluyan resistencia a herbicidas, resistencia a plagas, tolerancia a la germinación en frío, tolerancia al déficit de agua, y similares) por ejemplo, expresando o suprimiendo otros genes. Las construcciones para la disminución y aumento coordinado de la expresión génica se desvelan en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2004/0126845 A1.

Pueden cosecharse y usarse semillas de plantas transgénicas fértiles para cultivar generaciones descendientes, incluyendo generaciones híbridas, de plantas transgénicas, tal como se ha descrito anteriormente que incluyen la construcción de ADN recombinante en su genoma. Por lo tanto, además de la transformación directa de una planta con una construcción de ADN recombinante, las plantas transgénicas pueden prepararse cruzando una primera planta que tenga el ADN recombinante con una segunda planta que carezca de la construcción. Por ejemplo, el ADN recombinante puede introducirse en una línea de plantas que sea susceptible de transformación para producir una planta transgénica, que puede cruzarse con una segunda línea de plantas para introducir por introgresión el ADN recombinante en la descendencia resultante. Una planta transgénica puede cruzarse con una línea de planta que tenga otro ADN recombinante que confiera uno o más rasgos adicionales (tales como, pero sin limitación, resistencia a herbicida, resistencia a plagas o enfermedades, resistencia al estrés ambiental, contenido de nutrientes modificado, y mejora del rendimiento) para producir plantas descendientes que tienen ADN recombinante que confiere tanto el comportamiento de expresión de la secuencia diana deseada como los rasgos adicionales.

En dicho cruzamiento para combinar rasgos, la planta transgénica que dona el rasgo adicional puede ser una línea macho (polinizador) y la planta transgénica que porta los rasgos básicos puede ser la línea hembra. La descendencia de este cruce se segrega de tal forma que algunas de las plantas portarán el ADN para ambos rasgos progenitores y algunas portarán el ADN para un rasgo progenitor; dichas plantas pueden identificarse mediante marcadores asociados con ADN recombinante progenitor. Las plantas descendientes que portan ADN para ambos rasgos progenitores pueden retrocruzarse en la línea progenitora hembra múltiples veces, por ejemplo, usualmente 6 a 8 generaciones, para producir una planta descendiente homocigótica con sustancialmente el mismo genotipo que la línea progenitora transgénica original así como el ADN recombinante de la otra línea progenitora transgénica.

Otro aspecto más de la invención es un procedimiento que usa una planta transgénica cultivada a partir de la semilla transgénica. La presente invención contempla el uso de plantas transgénicas cultivadas directamente a partir de semillas transgénicas que contienen el ADN recombinante así como generaciones descendientes de plantas, incluyendo líneas de plantas puras o híbridas, producidas mediante el cruzamiento de una planta transgénica cultivada directamente a partir de semillas transgénicas en una segunda planta no cultivada a partir de la misma semilla transgénica. El cruzamiento puede incluir, por ejemplo, las siguientes etapas:

- (a) semillas de plantas de la primera planta progenitora (por ejemplo, no transgénica o una transgénica) y una segunda planta progenitora que es transgénica;
- (b) cultivar las semillas de la primera y la segunda planta progenitora en plantas que portan flores;
- (c) polinizar una flor del primer progenitor con polen del segundo progenitor; y
- (d) cosechar semillas producidas en la planta progenitora que porta la flor fertilizada.

A menudo es deseable introducir mediante introgresión ADN recombinante en variedades de élite, por ejemplo, mediante retrocruzamiento, para transferir un rasgo específico deseable de una fuente a una planta pura u otra que carezca de ese rasgo. Esto puede lograrse, por ejemplo, cruzando en primer lugar un endógamo superior ("A") (progenitor recurrente) con un individuo de puro donante ("B") (progenitor no recurrente), que porta el gen o los genes adecuados para el rasgo en cuestión, por ejemplo, una construcción preparada tal como se ha descrito anteriormente. La descendencia de este cruce se selecciona en primer lugar en la descendencia resultante respecto del rasgo deseado que se va a transferir a partir del progenitor "B" no recurrente, y después se vuelve a emparejar la descendencia seleccionada con el progenitor recurrente "A". Después de cinco o más generaciones de retrocruzamientos con selección respecto del rasgo deseado, la descendencia puede ser esencialmente hemocigótica para locus que controlan la característica que se está transfiriendo, pero son como el progenitor superior para la mayoría o prácticamente todos los demás genes. La última generación de retrocruzamiento podría autoemparejarse para proporcionar descendencia que son de raza pura para el gen o los genes que se estén transfiriendo, es decir, uno o más eventos de transformación.

Mediante una serie de manipulaciones de cruzamientos, puede moverse una construcción de ADN seleccionada desde una línea a una línea completamente diferente sin la necesidad de manipulación recombinante adicional. Por lo tanto se pueden producir plantas puras que son raza pura para una o más construcciones de ADN. Mediante el cruzamiento de diferentes plantas puras, se puede producir un gran número de híbridos diferentes con diferentes combinaciones de construcciones de ADN. De este modo, pueden producirse plantas que tengan las propiedades agrícolas deseables asociadas frecuentemente con los híbridos ("vigor del híbrido"), así como las características deseables conferidas por una o más construcciones de ADN.

En determinadas células vegetales transgénicas y plantas transgénicas, puede ser deseable expresar de manera concurrente un gen de interés mientras que a la vez se modula la expresión de un gen diana. Por lo tanto, en algunas realizaciones, la planta transgénica contiene ADN recombinante que incluye además un elemento de expresión génica para expresar al menos un gen de interés, y se efectúa la transcripción de la construcción de ADN recombinante tal como se ha descrito anteriormente con transcripción concurrente del elemento de expresión génica.

Las construcciones de ADN recombinante tal como se han descrito anteriormente pueden transcribirse en cualquier célula o tejido vegetal o en una planta completa en cualquier estado de desarrollo. Las plantas transgénicas pueden proceder de cualquier planta monocotiledónea o dicotiledónea, tales como, pero sin limitación, plantas de interés comercial o agrícola, tales como plantas de cultivo (especialmente plantas de cultivo usadas para alimentación humana o animal), árboles productores de madera o de pulpa, plantas vegetales, plantas de fruto, y plantas ornamentales. Los ejemplos de plantas de interés incluyen plantas de cultivo de grano (tales como trigo, avena, cebada, maíz, centeno, triticale, arroz, mijo, sorgo, quinoa, amaranto, y alforfón); las plantas de cultivo de forraje (tales como las hierbas de forraje y las dicotiledóneas de forraje, incluyendo alfalfa, arveja, trébol, y similares); plantas de cultivo de semillas oleaginosas (tales como algodón, cártamo, girasol, soja, canola, colza, lino, cacahuete, y palma de aceite); nueces de árbol (tales como nuez, anacardo, avellana, pacana, almendra, y similares); caña de azúcar, coco, palmera datilera, aceituna, remolacha azucarera, té, y café; árboles productores de madera o de pulpa; plantas de cultivos vegetales, tales como legumbres (por ejemplo, alubias, guisantes, lentejas, alfalfa, cacahuete), lechuga, espárrago, alcachofa, apio, zanahoria, rábano, las brassicáceas (por ejemplo, repollo, col rizada, mostaza, y otras brassicáceas foliares, brécol, coliflor, coles de Bruselas, nabo, colinabo), cucurbitáceas comestibles (por ejemplo, pepino, melón, calabaza de verano, calabaza de invierno), alliums comestibles (por ejemplo, cebolla, ajo, puerro, chalota, cebollino), miembros comestibles de las solanáceas (por ejemplo, tomate, berenjena, patata, pimientos, alquequenjes), y miembros comestibles de las quenopodiáceas (por ejemplo, remolacha, acelga, espinaca, quinoa, amaranto); plantas de cultivos frutales, tales como manzana, pera, frutos cítricos (por ejemplo, naranja, lima, limón, pomelo, y otros), frutas con hueso (por ejemplo, albaricoque, melocotón, ciruela, nectarina), banana, piña, uva, kiwi, papaya, aguacate, y bayas; plantas cultivadas para biomasa o biocombustibles (por ejemplo, hierbas *Miscanthus*, pasto varilla, jatropha, palma de aceite, microalgas eucariotas, tales como *Botryococcus braunii*, *Chlorella* spp., y *Dunaliella* spp., y macroalgas eucariotas, tales como *Gracilaria* spp., y *Sargassum* spp.); y plantas ornamentales, tales como plantas de flor ornamentales, árboles y arbustos ornamentales, tréboles ornamentales, y hierbas ornamentales.

Los procedimientos de la invención también usan productos de consumo producidos a partir de una célula vegetal, planta o semilla transgénica no natural, incluyendo, pero sin limitación, hojas cosechadas, raíces, brotes, tubérculos, tallos, frutos, semillas, u otras partes de una planta, alimentos, aceites, extractos, productos de fermentación o digestión, granos o semillas trituradas o completas de una planta, o cualquier producto alimentario o no alimentario, incluyendo dichos productos de consumo producidos por una célula vegetal, planta o semilla transgénica. La detección de una o más secuencias de ácido nucleico de las construcciones de ADN recombinantes tal como se han descrito anteriormente en uno o más productos de consumo contemplados en el presente documento es una prueba *de facto* de que el consumible o el producto de consumo es o procede de una célula vegetal, planta o semilla transgénica no natural.

En varias realizaciones, la planta transgénica no natural que tiene en su genoma una construcción de ADN recombinante descrita anteriormente tiene al menos un rasgo alterado adicional, en relación a una planta que carece de la construcción de ADN recombinante, seleccionado entre el grupo de rasgos que consiste en:

- (a) tolerancia al estrés abiótico mejorada;
- (b) tolerancia al estrés biótico mejorada;
- (c) composición de metabolitos primarios modificada;
- (d) composición de metabolitos secundarios modificada;
- (e) composición de oligoelementos, carotenoides o vitaminas modificada;
- (f) rendimiento mejorado;
- (g) capacidad mejorada para usar nitrógeno, fósforo u otros nutrientes;
- (h) características agronómicas modificadas;
- (i) características de crecimiento o reproductivas modificadas; y
- (j) calidad de la cosecha, almacenamiento o procesamiento mejoradas.

En algunas realizaciones, la planta transgénica no natural está caracterizada por: tolerancia mejorada al estrés abiótico (por ejemplo, tolerancia al déficit de agua o sequía, calor, frío, niveles de nutrientes o de sal no óptimos,

niveles de luz no óptimos) o de estrés biótico (por ejemplo, superpoblación, alelopatía, o heridas); por una composición de metabolito primario modificada (por ejemplo, de ácido grasos, aceites, aminoácidos, proteínas, azúcares o hidratos de carbono); una composición de metabolitos secundarios modificada (por ejemplo, de alcaloides, terpenoides, policétidos, péptidos no ribosomales y metabolitos secundarios de origen biosintético mixto);
 5 una composición de oligoelementos (por ejemplo, hierro, cinc), carotenoides (por ejemplo, beta-caroteno, licopeno, luteína, zeaxantina u otros carotenoides y xantofilinas) o vitaminas (por ejemplo, tocoferoles) modificada; rendimiento mejorado (por ejemplo, rendimiento mejorado en condiciones no estresantes o rendimiento mejorado en condiciones de estrés biótico o abiótico); capacidad mejorada para usar nitrógeno, fosfato u otros nutrientes; características agronómicas modificadas (por ejemplo, maduración retardada; senescencia retardada; madurez temprana o tardía; tolerancia a la sombra mejorada; resistencia mejorada al acame de la raíz o tallo; resistencia mejorada al "quebrado en verde" de los tallos; respuesta modificada al fotoperiodo); características de crecimiento o reproductivas modificadas (por ejemplo, enanismo intencionado; esterilidad masculina intencional, útil, por ejemplo, en procedimientos de hibridación mejorados; velocidad de crecimiento vegetativo mejorada; germinación mejorada; fertilidad del macho o de la hembra mejorada); calidad de la cosecha, almacenamiento o procesamiento mejoradas
 10 (por ejemplo, resistencia mejorada a plagas durante el almacenamiento, resistencia mejorada a la rotura, mejor aspecto para los consumidores); o cualquier combinación de estos rasgos.

En otra realización, la semilla transgénica no natural, o la semilla producida por la planta transgénica no natural, tiene una composición de metabolito primario modificada (por ejemplo, de ácido grasos, aceites, aminoácidos, proteínas, azúcares o hidratos de carbono), una composición de metabolitos secundarios modificada, una
 20 composición de oligoelementos, carotenoides o vitaminas modificada, una calidad de la cosecha, almacenamiento o procesamiento mejoradas, o una combinación de estas. En otra realización, puede ser deseable cambiar los niveles de componentes nativos de la planta o semilla transgénica de una planta transgénica, por ejemplo, para disminuir niveles de una proteína o glucoproteína alergénica o de un metabolito tóxico.

En general, se lleva a cabo la exploración de una población de plantas transgénicas regeneradas cada una a partir de una célula vegetal transgénica para identificar células vegetales transgénicas que se desarrollan en plantas transgénicas que tienen el rasgo deseado. Las plantas transgénicas se ensayan para detectar un rasgo mejorado, por ejemplo, eficacia mejorada del uso de agua, tolerancia al frío mejorada, rendimiento aumentado, eficacia mejorada del uso de nitrógeno, proteínas de la semilla mejoradas, y aceite de semilla mejorada. Los procedimientos de exploración incluyen la exploración directa respecto del rasgo en un ensayo en invernadero o en el campo o la exploración respecto de un rasgo sustituto. Dichos análisis se dirigen a la detección de cambios en la composición química, biomasa, propiedades fisiológicas, o morfología de la planta. Los cambios en las composiciones químicas, tales como la composición nutricional del grano se detectan mediante análisis de la composición y contenido de proteína, aminoácidos libres, aceite, ácidos grasos libres, almidón, tocoferoles, u otros nutrientes de la semilla. Los cambios en las características de crecimiento o biomasa se detectan midiendo la altura de la planta, el diámetro del tallo, la longitud entre nódulos, los pesos en seco de la raíz y brotes, y (para las plantas productoras de grano, tales como maíz, arroz, o trigo) longitud y diámetro de la mazorca o de la cabeza de semillas. Los cambios en las propiedades fisiológicas se identifican evaluando las respuestas a condiciones de estrés, por ejemplo, ensayos en condiciones de estrés impuestas, tales como déficit de agua, deficiencia de nitrógeno o de fosfato, condiciones de crecimiento frías o calientes, ataque por patógenos o insectos, deficiencia de luz, o densidad de plantas aumentada.
 30 Otras propiedades de selección incluyen días hasta la dispersión de polen, días hasta la serificación en el maíz, velocidad de extensión foliar, contenido de clorofila, temperatura de la hoja, posición erguida, vigor de la plántula, la longitud entre nódulos, altura de la planta, número de hojas, área de las hojas, macollaje, raíces de anclaje, permanencia del verdor, acame del tallo, acame de la raíz, salud de la planta, fertilidad, quebrado en verde, y resistencia a plagas. Además, pueden evaluarse las características fenotípicas de la semilla cosechada; por ejemplo, en el maíz puede incluir el número granos por fila en la mazorca, el número de filas de granos en la mazorca, el aborto de granos, peso del grano, tamaño del grano, densidad del grano y calidad física del grano. Lo siguiente ilustra ejemplos de ensayos de exploración útiles para identificar rasgos deseados en plantas de maíz. Estos pueden adaptarse fácilmente para explorar otras plantas, tales como colza, algodón, y soja ya sea como híbridos o como líneas puras.

50 Las plantas de maíz transgénicas que tienen eficacia en el uso del nitrógeno se identifican explorando en campos en los que se aplican fertilizantes con tres niveles de nitrógeno, por ejemplo, bajo nivel (0 kg/hectárea), nivel medio (89 kg/hectárea) y alto nivel (201,7 kg/hectárea). Las plantas con una eficacia del uso del nitrógeno potenciada proporcionan mayor rendimiento en comparación con plantas de control.

Las plantas de maíz transgénicas que tienen rendimiento mejorado se identifican explorando las plantas transgénicas en diversas ubicaciones con plantas cultivadas en condiciones óptimas de control de la producción y un control máximo de las hierbas y plagas. Un objetivo útil para rendimiento mejorado es un aumento del 5% al 10% en el rendimiento en comparación con el rendimiento producido por plantas cultivadas a partir de semilla para una planta de control. Pueden aplicarse procedimientos de selección en múltiples y diversas localizaciones geográficas y a lo largo de una o más temporadas de siembra para distinguir estadísticamente la mejora del rendimiento de los efectos ambientales naturales.
 60

Las plantas de maíz transgénicas que tienen una eficacia del uso del agua mejorada se identifican explorando plantas en un ensayo donde se contiene el agua durante un periodo para inducir estrés seguido de riego para revivir

las plantas. Por ejemplo, un procedimiento de selección útil imprime 3 ciclos de sequía/riego en plantas durante un periodo total de 15 días después de un periodo de crecimiento sin estrés de 11 días. Cada ciclo consiste en 5 días, sin aplicación de agua durante los primeros cuatro días y finalizando con agua en el 5° día del ciclo. Los fenotipos principales analizados mediante el procedimiento de selección son los cambios en la velocidad de crecimiento de la planta determinados por la altura y la biomasa durante un tratamiento de sequía vegetativa.

Las plantas de maíz transgénicas que tienen tolerancia al frío mejorada se identifican explorando plantas en un ensayo de germinación en frío y/o un ensayo en campo de tolerancia al frío. En un ensayo de germinación en frío, se colocan bandejas de semillas transgénicas y de control en una cámara de crecimiento oscura a 9,7 grados Celsius durante 24 días. Se identifica que las semillas que tienen mayores velocidades de crecimiento en comparación con el control tienen tolerancia al frío mejorada. En un ensayo de campo de tolerancia al frío, se identifican plantas con tolerancia al frío mejorada sembrando en una fecha más temprana a la siembra primaveral convencional para la localización del campo. Por ejemplo, las semillas se siembran en el suelo aproximadamente dos semanas antes de que los granjeros locales comiencen a plantar maíz, de tal forma que se ejerce un estrés por frío significativo en el cultivo. Como control, las semillas también se siembran en condiciones de siembra óptimas locales de tal forma que la cosecha tiene poca o ninguna exposición a condiciones frías. En cada ubicación, se plantan semillas en condiciones tanto frías como normales, preferentemente con múltiples repeticiones por tratamiento.

La descripción anterior y los ejemplos presentados en la presente divulgación describen los procedimientos de la presente invención, que emplean: **(I)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado; **(II)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicho procesamiento de ADN en un ARN que comprende ARN monocatenario comprende la transcripción de dicho ADN en un intermedio de ARN que comprende uno o más segmentos de ARN bicatenario; **(III)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que la longitud de dicho ARN monocatenario comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 100 nucleótidos; **(IV)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, que comprende además al menos un elemento seleccionado entre el grupo que consiste en: (A) un promotor funcional en una célula eucariota; (B) un promotor de Pol III unido operativamente a dicho ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario; (C) ADN que se procesa en un aptámero de ARN; (D) una unidad de transcripción de transgén; (E) ADN que codifica un intrón que puede cortarse y empalmarse; (F) ADN que codifica una ribozima autoescindible; (G) ADN que codifica un sitio de reconocimiento de recombinasa de sitio específico; (H) ADN que codifica un elemento de supresión génica; e (I) ADN que codifica un elemento regulador de la transcripción; **(V)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicho al menos un gen diana comprende: (A) secuencia codificante, secuencia no codificante, o secuencia tanto codificante como no codificante; o (B) un solo gen diana, o múltiples genes diana; o (C) uno o más del grupo que consiste en: (1) un gen endógeno de una eucariota, (2) un transgén de una planta transgénica, (3) un gen endógeno de una plaga o patógeno de una planta, y (4) un gen endógeno de un simbionte asociado con una plaga o patógeno de una planta; **(VI)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; **(VII)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que: (1) dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana y la longitud de dicho segmento hibridado comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 100 pares de bases; (2) dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la traducción de dicho transcrito y la longitud de dicho segmento hibridado

comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 50 pares de bases; o (3) dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la traducción de dicho transcrito y la longitud de dicho segmento hibridado comprende entre aproximadamente 19 a aproximadamente 50 pares de bases, dicho segmento hibridado comprende segmentos más pequeños de 9 o menos pares de bases contiguas perfectamente complementarias, y al menos un desemparejamiento o inserción es se encuentra entre cada par de dichos segmentos más pequeños; (VIII) una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana y la longitud de dicho segmento hibridado comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 100 pares de bases, y dicha supresión mediada por ARN bicatenario comprende la escisión de dicho transcrito por dicha ribonucleasa RNasa III, y dicha escisión está mediada por la unión de un ARN pequeño a dicho transcrito; (IX) una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana y la longitud de dicho segmento hibridado comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 100 pares de bases, y dicha supresión mediada por ARN bicatenario comprende la escisión de dicho transcrito por dicha ribonucleasa RNasa III, y dicha escisión está mediada por la unión de un ARN pequeño a dicho transcrito; y en el que dicho segmento hibridado comprende al menos un desemparejamiento o al menos una inserción en dicho segmento hibridado en una posición que da como resultado la inhibición de la escisión de dicho transcrito por dicha ribonucleasa RNasa III; (XI) una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana y la longitud de dicho segmento hibridado comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 100 pares de bases, y dicha supresión mediada por ARN bicatenario comprende la escisión de dicho transcrito por dicha ribonucleasa RNasa III, y dicha escisión está mediada por la unión de un ARN pequeño a dicho transcrito; y en el que dicho ARN pequeño es un miARN maduro, dicha unión es en un sitio de reconocimiento de miARN en dicho transcrito, sucediendo dicha escisión de dicho transcrito en dicho sitio de reconocimiento de miARN, y formándose dicho segmento hibridado al menos parcialmente en dicho sitio de reconocimiento de miARN; (XII) una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana y la longitud de dicho segmento hibridado comprende entre aproximadamente 10 a aproximadamente 100 pares de bases, y dicha supresión mediada por ARN bicatenario comprende la escisión de dicho transcrito por dicha ribonucleasa RNasa III, y dicha escisión está mediada por la unión de un ARN pequeño a dicho transcrito; y en el que dicho ARN pequeño es un miARN maduro, dicha unión es en un sitio de reconocimiento de miARN en dicho transcrito, dicho miARN, pero no incluye (a) desemparejamientos entre dicho ARN monocatenario y dicho sitio de reconocimiento de miARN en posiciones de dicho sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 9, 10, u 11 (en dirección de 3' a 5') de dicho miARN maduro, o (b) inserciones en una posición en dicho ARN monocatenario en posiciones de dicho sitio de reconocimiento de miARN correspondientes a las posiciones 10 u 11 (en dirección de 3' a 5') de dicho miARN maduro; (XIII) una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la

escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la traducción de dicho transcrito, y dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito sucede: (i) al menos parcialmente dentro de la región 5' no traducida o la región 3' no traducida de dicho transcrito; o (ii) dentro o en las proximidades del codon de inicio o del tapón 5'; **(XIV)** una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la traducción de dicho transcrito, y dicho segmento hibridado es resistente a la escisión por dicha ribonucleasa RNasa III; **(XV)** un procedimiento para modular la expresión de un gen diana, que comprende expresar en una célula una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado; **(XVI)** un procedimiento para aumentar la expresión de un gen diana, que comprende expresar en una célula una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado; y en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito: (A) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario de dicho al menos un gen diana, aumentando de este modo la expresión de dicho gen diana; o (B) inhibe la traducción de dicho transcrito, disminuyendo de este modo la expresión de dicho gen diana; **(XVII)** un cromosoma o plástido de planta no natural que comprende una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado; **(XVIII)** una célula vegetal transgénica no natural que tiene en su genoma una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado, o una planta transgénica no natural o una semilla de planta transgénica no natural o un grano de polen transgénico no natural que comprende dicha célula vegetal transgénica no natural; **(XIX)** una planta parcialmente transgénica no natural que comprende: (A) una célula vegetal transgénica no natural que tiene en su genoma una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado y que además comprende tejido no transgénico; o (B) un rizoma transgénico que comprende una célula vegetal transgénica no natural que tiene en su genoma una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades de dicho segmento hibridado y que además comprende un vástago no transgénico; **(XX)** una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, que comprende un promotor que es funcional en dicha célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (A) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (B) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (C) ADN que codifica un inhibidor traduccional para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (D) ADN que codifica un señuelo para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (E) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en dicha secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (F) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (G) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (H) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; **(XXI)** una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, que comprende un promotor que es funcional en dicha célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (A) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de

miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (B) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (C) ADN que codifica un inhibidor traduccional para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (D) ADN que codifica un señuelo para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (E) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en dicha secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (F) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (G) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (H) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y en el que dicha al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3** es al menos una seleccionada entre el grupo que consiste en una diana de miR156, una diana de miR160, una diana de miR164, una diana de miR166, una diana de miR167, una diana de miR169, una diana de miR171, una diana de miR172, una diana de miR319, una diana de miR395, una diana de miR396, una diana de miR398, una diana de miR399, una diana de miR408, una diana de miR444, una diana de miR528, una diana de miR167g, una diana de miR169g, COP1 (fotomorofogénesis I constitutivo), GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico), GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico), HB2 (caja homeostática 2), HB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4), HB4 (caja homeostática 4), LG1 (liguleless I), SPX (SYG1, dominio PHO81 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk), VIM1a (variante en metilación 1a), DHS1 (desoxihipusina sintasa), DHS2 (desoxihipusina sintasa), DHS3 (desoxihipusina sintasa), DHS4 (desoxihipusina sintasa), DHS5 (desoxihipusina sintasa), DHS6 (desoxihipusina sintasa), DHS7 (desoxihipusina sintasa), DHS8 (desoxihipusina sintasa), CRF (dedo ANULAR de maíz; RNF169), G1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), G1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), GS3 (tamaño del grano 3), y GW2 (peso del grano 2); **(XXII)** una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, que comprende un promotor que es funcional en dicha célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (A) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (B) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (C) ADN que codifica un inhibidor traduccional para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (D) ADN que codifica un señuelo para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (E) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en dicha secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (F) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (G) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (H) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y en el que dicha al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3** es al menos una seleccionada entre el grupo que consiste en una diana de miR156, una diana de miR160, una diana de miR164, una diana de miR166, una diana de miR167, una diana de miR169, una diana de miR171, una diana de miR172, una diana de miR319, una diana de miR395, una diana de miR396, una diana de miR398, una diana de miR399, una diana de miR408, una diana de miR444, una diana de miR528, una diana de miR167g, una diana de miR169g, COP1 (fotomorofogénesis I constitutivo), GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico), GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico), HB2 (caja homeostática 2), HB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4), HB4 (caja homeostática 4), LG1 (liguleless I), SPX (SYG1, dominio PHO81 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk), VIM1a (variante en metilación 1a), DHS1 (desoxihipusina sintasa), DHS2 (desoxihipusina sintasa), DHS3 (desoxihipusina sintasa), DHS4 (desoxihipusina sintasa), DHS5 (desoxihipusina sintasa), DHS6 (desoxihipusina sintasa), DHS7 (desoxihipusina sintasa), DHS8 (desoxihipusina sintasa), CRF (dedo ANULAR de maíz; RNF169), G1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), G1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), GS3 (tamaño del grano 3), y GW2 (peso del grano 2); y en el que dicho al menos un polinucleótido es al menos uno seleccionado entre el grupo que consiste en ADN que codifica una secuencia de nucleótidos seleccionada entre las **SEC ID N°: 1120, 1121, 1122, 1248, 1257, 1313, 1314, 1364, 1387,1478, 1489, 1490,1491, 1492,1493, 1585, 1597, 1598, 1599, 1713, 1752, 1753, 1801, 1802,1820, 1927,1929, 1931, 1971, 2006, 2007, 2008, 2010, 2012, 2014, 2016, 2018, 2022, 2023, 2025, 2027, 2029, 2031,2033, 2035, 2037, 2039, 2041,2043, 2045, 2047, 2049, 2051,2053, 2055, 2056, 2057, 2059, 2060, 2061, y 2063**; y **(XXIII)** una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, que comprende un promotor que es funcional en dicha célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (A) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (B) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (C) ADN que codifica un inhibidor traduccional para evitar o disminuir la

escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (D) ADN que codifica un señuelo para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (E) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en dicha secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (F) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (G) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (H) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y en el que dicha construcción de ADN recombinante se integra de manera estable en un plásmido o un cromosoma de dicha célula vegetal.

Ejemplos

Ejemplo 1

15 El presente ejemplo ilustra la elaboración y uso de una construcción de ADN recombinante "bloqueadora de la escisión" que incluye ADN que se somete a procesamiento en un ARN incluyendo ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana para formar un segmento hibridado de al menos ARN parcialmente bicatenario que confiere al transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III en o en las proximidades del segmento hibridado, en el que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación resultante del segmento hibridado) inhibe la supresión de un gen diana mediada por ARN bicatenario. Más específicamente, el presente ejemplo describe construcciones para producir un miARN artificial o diseñado por ingeniería genética o un bloqueador de la escisión en una planta y el uso del bloqueador de la escisión para inhibir la supresión mediada por miARN de un gen GL1 de *Arabidopsis* en células vegetales transformadas.

25 Gen diana: El gen GLABROUS1 (GL1) de *Arabidopsis* es necesario para la síntesis del tricoma; los mutantes de GL1 carecen de tricomas foliares. GL1 está codificado por la secuencia de ADN

ATGAGAATAAGGAGAAGAGATGAAAAAGAGAATCAAGAATACAAGAAAGGTTTATGGACA
 GTTGAAGAAGACAACATCCTTATGGACTATGTTCTTAATCATGGCACTGGCCAATGGAACCG
 CATCGTCAGAAAACTGGGCTAAAGAGATGTGGGAAAAGTTGTAGACTGAGATGGATGAAT
 TATTTGAGCCCTAATGTGAACAAAGGCAATTTCACTGAACAAGAAGAAGACCTCATTATTCG
 TCTCCAGAAGCTCCTCGGCAATAGATGGTCTTTGATAGCTAAAAGAGTACCGGGAAGAACA
 GATAACCAAGTCAAGAACTACTGGAACACTCATCTCAGCAAAAACTCGTCGGAGATTACT
 CCTCCGCCGTCAAAACCACCGGAGAAGACGACGACTCTCCACCGTCATTGTTTCATCACTGCC
 GCCACACCTTCTTCTTGTTCATCATCAACAAGAAAATATCTACGAGAATATAGCCAAGAGCTT
 TAACGGCGTTCGTATCAGCTTCGTACGAGGATAAACCAAAACAAGAACTGGCTCAAAAAGAT
 GTCCTAATGGCAACTACTAATGATCCAAGTCACTATTATGGCAATAACGCTTTATGGGTTCA
 TGACGACGATTTGAGCTTAGTTCACTCGTAATGATGAATTTTGCTTCTGGTGATGTTGAGTA
 CTGCCTTTAG (SEC ID N°: 1),

incluye un sitio de reconocimiento, que tiene la secuencia CTCCACCGTCATTGTTTCATCA (SEC ID N°: 2) y que también está indicada por el texto subrayado en las posiciones de nucleótido 404 a 424 de SEC ID N°: 1.

30 MicroARN: Como un armazón o secuencia inicial para diseñar un miARN artificial se seleccionó ADN procedente de un precursor "miRMON1" de soja que tiene la secuencia

AATTCATTACATTGATAAAACACAATTCAAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACATT
 TCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCTGAGACCAAATGAGCAGCTG
ACCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATTCAGCTGCTCATCTGTTCTCAGGTGCGCCCTTGTGG
 ACTGTCCAACCTCCTACTGATTGCGGATGCACTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGGA

AAAGAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGATT
 GTCTAATTGTGTTTATGGAATTGTATA (SEC ID N°: 3)

donde los nucleótidos del miARN maduro ("miRMON1") se indican mediante texto subrayado en las posiciones de nucleótido 104 a 124 de **SEC ID N°: 3**. Se predijo que el transcrito codificado tenía una estructura plegada ilustrada en la **figura 1A**, y es un segmento de un precursor de miRMON1 más largo que tiene la secuencia

AAAATTCATTACATTGATAAAACACAATTCAAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACA
 TTCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCTGAGACCAAATGAGCAGCT
GACCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATTCAGCTGCTCATCTGTTCTCAGGTGCGCCCTTGTGG
 GACTGTCCAACCTCCTACTGATTGCGGATGCACTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGG
 AAAAGAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGAT
 TGTCTAATTGTGTTTATGGAATTGTATATTTTCAGACCAGGCACCTGTAACCTAATTATAGGTA
 CCATACCTTAAAATAAGTCCAACCTAAGTCCATGTCTGTGATTTTTTAGTGTACAAATCACA
 ATCCATTGCCATTGGTTTTTTAATTTTTTCATTGTCTGTTGTTAACTAAGCTTAGCTTTTTAGC
 TGCTTCAAGTACAGATTCCTCAAAGTGGAAAATGTTCTTTGAAGTCAATAAAAAGAGCTTTG
 ATGATCATCTGCATTGTCTAAGTTGGATAAACTAATTAGAGAGAACTTTTGAACCTTTGTCTA
 CCAAATATCTGTCAGTGTCTGTCAGTTCTGCAAGCTGAAGTGTGAAATCCACGAGGTGC
 TTGTTGCAAAGTTGTGATATTAAGACATCTACGAAGAAGTTCAAGCAAACCTTTTTTGG
 C (SEC ID N°: 4)

5 donde los nucleótidos de miRMON1 maduro se indican mediante texto subrayado en las posiciones de nucleótido 106 a 126 de **SEC ID N°: 4**; este precursor de miRMON1 más largo se había desvelado previamente como la SEC ID N°: 3 en la Solicitud de Patente de Estados Unidos 11/303.745, publicada como Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2006/200878). El precursor más largo (**SEC ID N°: 4**) también es adecuado como
 10 armazón.

Se diseñó ADN que codificaba un precursor de miARN de "miRGL1" a partir de **SEC ID N°: 3** para producir un transcrito precursor de miRGL1 que se procesa en un miARN maduro de "miRGL1" para suprimir el gen endógeno de *Arabidopsis*, GL1. El precursor de miRGL1 tenía la secuencia

AATTCATTACATTGATAAAACACAATTCAAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACATT
 TCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCTGATGAACAATGACGGTGGGA
GCCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATCTCCACCGTCATCGTCCATCAGGTGCGCCCTTGTGGGA
 CTGTCCAACCTCCTACTGATTGCGGATGCACTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGGAA
 AAGAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGATTG
 TCTAATTGTGTTTATGGAATTGTATA (SEC ID N°: 5)

15 donde los nucleótidos del miARN maduro ("miRGL1") se indican mediante texto subrayado en las posiciones de nucleótido 104 a 124 de **SEC ID N°: 5** y los nucleótidos de la hebra opuesta correspondiente denominada miARN* ("miRGL1**") se indica mediante texto en cursiva en las posiciones de nucleótido 151 a 171 de **SEC ID N°: 5**. Se predijo que este precursor de miRGL1 tiene la estructura plegada representada en la **figura 1B** y se procesa en la planta en el miRGL1 maduro, que tiene la secuencia (en dirección de 5' a 3') TGATGAACAATGACGGTGGAG (**SEC ID N°: 6**, como alternativa escrita en dirección de 3' a 5' como GAGGTGGCAGTAACAAGTAGT).

Bloqueador de la escisión: Se diseñó ADN que codifica un precursor de bloqueador de la escisión ("miRGL1-CB") derivado de la **SEC ID N°: 3** para transcribirlo en un precursor de miARN de tipo "bloqueador de la escisión" que se procesa en un ARN que incluye ARN monocatenario que se une al transcrito del gen diana GL1 para formar un segmento hibridado de ARN al menos parcialmente bicatenario que confiere al transcrito de GL1 resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III dentro o en las proximidades del segmento hibridado, en el que la unión del ARN monocatenario al transcrito (y la formación resultante del segmento hibridado) inhibe la supresión del al menos un gen diana mediada por ARN bicatenario, en el que la supresión está mediada por miRGL1. El precursor de miRGL1-CB tenía la secuencia

**AATTCATTACATTGATAAAAACACAATTCAAAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACATT
TCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCTGATGAACATAGACGGTGGA
GCCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATCTCCACCGTCTACGTCCATCAGGTCGCCCTTGTGGAA
CTGTCCAACCTCTACTGATTGCGGATGCACTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGGAA
AAGAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGATTG
TCTAATTGTGTTTATGGAATTGTATA (SEC ID N°: 7)**

10 donde los nucleótidos del bloqueador de la escisión maduro ("miRGL1-CB") se indican mediante texto subrayado en las posiciones de nucleótido 104 a 124 de **SEC ID N°: 7** y los nucleótidos de la hebra opuesta correspondiente miARN* ("miRGL1-CB*") se indica mediante texto en cursiva en las posiciones de nucleótido 151 a 171 de **SEC ID N°: 7**. Los nucleótidos en las posiciones 113 y 114 de la **SEC ID N°: 7** se indican en texto subrayado en negrita y corresponden a las posiciones 10 y 11 (en dirección de 3' a 5') del miRGL1-CB1 maduro; estos dos nucleótidos se
15 seleccionaron para que estuviesen desemparejados de manera intencional con los nucleótidos del sitio de reconocimiento de miARN (**SEC ID N°: 2**) de GL1 (**SEC ID N°: 1**) para prevenir la escisión por una ribonucleasa RNasa III. Se predijo que el ARN precursor de miRGL1-CB tiene la estructura plegada representada en la **figura 1C** y se procesa en la planta en el miRGL1-CB maduro, que tiene la secuencia (en dirección de 5' a 3') TGATGAACATAGACGGTGGAG (**SEC ID N°: 8**, como alternativa escrita en dirección de 3' a 5' como GAGGTGGCAGATACAAGTAGT). La **figura 1E** ilustra un alineamiento del sitio de reconocimiento de miARN de GL1 (**SEC ID N°: 2**), el miRGL1 maduro en dirección de 3' a 5' (**SEC ID N°: 6**), y el miRGL1-CB maduro en dirección de 3' a 5' (**SEC ID N°: 8**).

Sensor de miRGL1: Se diseñó ADN que codifica un "sensor de miRGL1" que tiene la secuencia
25 TccaqctqctcatttqctctcaTGATCACTGCGGCCGCAATACAqccataqatcacttqatqcaCGAccaccattcatcagatttctctgcaagcg (**SEC ID N°: 9**) para incluir un sitio de reconocimiento de miRGL1 artificial que tiene la secuencia **GACCACCGTCATTGTTTCATCA (SEC ID N°: 10)**, que también está indicada por texto subrayado en las posiciones de nucleótido 67 y 87 de **SEC ID N°: 9**. Los nucleótidos en las posiciones 67 y 68 de la **SEC ID N°: 9** (o los nucleótidos en las posiciones 1 y 2 de la **SEC ID N°: 10**) se indican en texto subrayado en negrita y corresponden a las posiciones 1 y 2 (en dirección de 3' a 5') del miRGL1 maduro; estos dos nucleótidos se seleccionaron para que
30 estuviesen desemparejados de manera intencional con los dos últimos nucleótidos en el extremo 3' del miRGL1 maduro (**SEC ID N°: 6**) para evitar la transitividad.

Se construyeron tres plásmidos para la transformación mediada por *Agrobacterium*:

(1) "35S/miRGL1/Term" - este plásmido incluyó una construcción que contenía, en dirección de 5' a 3', (a) un promotor 35S que dirigía la expresión de (b) un precursor de miRGL1 (**SEC ID N°: 5**), y (c) un terminador nos;
35 (2) "35S/GFP/miRGL1-sensor/Term" - este plásmido incluyó una construcción que contenía, en dirección de 5' a 3', (a) un promotor 35S unido operativamente a (b) una secuencia codificante de proteína fluorescente verde (GFP), (c) una secuencia de sensor de miRGL1 (**SEC ID N°: 9**), y (d) un terminador nos;
(3) "35S/miRGL1-CB" - este plásmido incluyó una construcción que contenía, en dirección de 5' a 3', (a) un promotor 35S que dirigía la expresión de (b) un precursor de miRGL1-CB (**SEC ID N°: 7**).

40 Un aspecto de la presente invención se demostró usando protocolos descritos en Koscianska y col. (2005) Plant Mol. Biol., 59:647-661). Se transformaron transitoriamente plantas de *Nicotiana benthamiana* usando *Agrobacterium* con diversas combinaciones de estos plásmidos y, en caso necesario, *Agrobacterium* de "carga" (plásmido nulo) para asegurar la infiltración de cantidades iguales de *Agrobacterium*.

45 Las plantas de *Nicotiana benthamiana* transformadas con el plásmido (2) mostraron fluorescencia de GFP (verde) cuando se visualizaron con luz UV. En las plantas transformadas con los plásmidos (1) y (2), la fluorescencia de GFP se suprimió con fluorescencia solo de clorofila (roja) observada con luz UV, indicando que el microARN de miRGL1 suprimió la expresión de GFP. En las plantas transformadas con los plásmidos (1), (2) y (3), se restauró la fluorescencia de GFP, lo que indica que el bloqueador de la escisión miRGL1-CB inhibió la supresión mediada por ARN bicatenario (es decir, mediada por miRGL1) del gen diana GFP protegiendo el sitio de reconocimiento de miRGL1 de la escisión por el miRGL1 maduro, dando como resultado expresión aumentada (fluorescencia) del gen diana GFP en relación a su expresión en ausencia del bloqueador de la escisión.
50

En otra demostración de la presente invención, se produjeron plantas de *Arabidopsis thaliana* transformadas de manera estable mediante transformación mediada por *Agrobacterium* con un plásmido que expresa un precursor de miRGL1 (**SEC ID N°: 5**), que se procesa en la planta en un miARN "miRGL1" maduro para suprimir el gen endógeno de *Arabidopsis*, GL1. Las plantas de *Arabidopsis* transformadas resultantes mostraron hojas sin tricomas, lo que indica la supresión del gen diana GLABROUS 1. Las plantas de *Arabidopsis* homocigotas respecto de ADN de miRGL1 se transforman adicionalmente con un plásmido que expresa un precursor de miRGL1-CB (**SEC ID N°: 7**) y se seleccionaron usando resistencia a la kanamicina. En estas plantas dobles transformantes, la expresión en la planta del bloqueador de la escisión maduro miRGL1-CB (en dirección de 3' a 5', **SEC ID N°: 8**) inhibe la supresión mediada por ARN bicatenario (es decir, mediada por mRGL1) del gen diana GLABROUS1 (GL1) protegiendo al sitio de reconocimiento de miRGL1 de la escisión por miRGL1 maduro, dando como resultado la recuperación de la producción de tricomas (lo que indica expresión aumentada del gen diana GL1 en relación a su expresión en ausencia del bloqueador de la escisión).

Ejemplo 2

Este ejemplo ilustra una construcción de ADN recombinante de "bloqueador de la escisión" alternativo que tiene una modificación en una posición correspondiente al extremo 5' del miARN maduro que se une de manera nativa al sitio de reconocimiento del gen diana, es decir, un "bloqueador de la escisión modificado en 5'" que se produce de manera transgénica en una planta y un procedimiento para usar este bloqueador de la escisión para inhibir la supresión mediada por miARN de un gen diana en células vegetales transformadas.

En un ejemplo, se modificó el ADN que codifica un precursor de miARN (miRGL1) artificial (**SEC ID N°: 6**) que se modificó mediante un solo cambio de nucleótidos (cambiando el extremo 5' del miRGL1 maduro de U a C) para producir la secuencia precursora del bloqueador de la escisión modificado en 5'

AATTCATTACATTGATAAAAACACAATTCAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACATT
 TCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCCGATGAACAATGACGGTGGGA
GCCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATCTCCACCGTCTACGTCCATCGGGTTCGCCCTTGTTGG
 ACTGTCCAACCTCTACTGATTGCGGATGCACTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGGA
 AAAGAAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGATT
 GTCTAATTGTGTTTATGGAATTGTATA (**SEC ID N°: 11**)

donde los nucleótidos del bloqueador de la escisión modificado en 5' se indican mediante texto subrayado en las posiciones de nucleótido 104 a 124 de **SEC ID N°: 11** (por comparación, los nucleótidos de **SEC ID N°: 11** que corresponden a los nucleótidos de miRGL1* en **SEC ID N°: 6** se indican mediante texto en cursiva en las posiciones de nucleótido 151 a 171 de **SEC ID N°: 11**). Se predijo que este precursor de ARN bloqueador de la escisión modificado en 5' tiene la estructura plegada representada en la **figura 1D** y se procesa en la planta en el bloqueador de la escisión modificado en 5' maduro, que tiene la secuencia (en dirección de 5' a 3') CGATGAACAATGACGGTGGAG (**SEC ID N°: 12**, como alternativa escrita en dirección de 3' a 5' como GAGGTGGCAGTAACAAGTAGC). Se transfectaron transitoriamente plantas de *Nicotiana benthaminiana* usando procedimientos similares a aquellos descritos en el ejemplo 2. Se observó de manera inesperada que el ARN pequeño maduro resultante procesado a partir de este precursor de ARN de bloqueador de la escisión modificado en 5' funcionaba como un bloqueador de la escisión, inhibiendo la supresión mediada por miRGL1 del gen diana GFP.

Se produjeron dos variantes modificadas en 5' del precursor de miRGL1-CB (**SEC ID N°: 7**), en las que la posición correspondiente al extremo 5' del miRGL1-CB maduro se cambió de T a A o de T a C, respectivamente, pero en las que se conservaron los desemparejamientos correspondientes a las posiciones 10 u 11 (en dirección de 3' a 5') del miRGL1 maduro. Se predijo que ambas variantes tienen una estructura plegada (no mostrada) similar a aquellas mostradas en las **figuras 1A a 1D**. La "variante 5'-A" tenía la secuencia de nucleótidos

AATTCATTACATTGATAAAAACACAATTCAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACATT
 TCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCAGATGAACATAGACGGTGGGA
GCCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATCTCCACCGTCTACGTCCATCTGGTTCGCCCTTGTTGGA
 CTGTCCAACCTCTACTGATTGCGGATGCACTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGGAA
 AAGAAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGATTG
 TCTAATTGTGTTTATGGAATTGTATA (**SEC ID N°: 13**)

y la "variante 5'-C" tenía la secuencia de nucleótidos

AATTCATTACATTGATAAAACACAATTCAAAAGATCAATGTTCCACTTCATGCAAAGACATT
 TCCAAAATATGTGTAGGTAGAGGGGTTTTACAGGATCGTCCCGATGAACATAGACGGTGGGA
 GCCACATGATGCAGCTATGTTTGCTATCTCCACCGTCTACGTCCATCTGGTCGCCCTTGTGGGA

CTGTCCAACCTCCTACTGATTGCGGATGCACCTTGCCACAAATGAAAATCAAAGCGAGGGGAA
 AAGAATGTAGAGTGTGACTACGATTGCATGCATGTGATTTAGGTAATTAAGTTACATGATTG
 TCTAATGTGTTTATGGAATTGTATA (SEC ID N°: 14),

donde los nucleótidos del bloqueador de la escisión se indican mediante texto subrayado en las posiciones de nucleótido 104 a 124 de **SEC ID N°: 13** o de **SEC ID N°: 14** (por comparación, los nucleótidos de **SEC ID N°: 13** o de **SEC ID N°: 14** que corresponden a los nucleótidos de miRGL1* en **SEC ID N°: 6** se indican mediante texto en cursiva en las posiciones de nucleótido 151 a 171 de **SEC ID N°: 13** o de **SEC ID N°: 14**).

La "variante 5'-C" (**SEC ID N°: 14**) se transfectó transitoriamente en *Nicotiana benthaminiana* (usando procedimientos similares a aquellos del ejemplo 2); la inoculación conjunta de la variante "5'-C" y de 35S/miRGL1-sensor/Term (sin miRGL1) dio como resultado fluorescencia de GFP, lo que indica que la "variante 5'-C" fue incapaz de escindir el sitio de reconocimiento de miRGL1 y no tenía actividad similar a miARN.

Tanto la "variante 5'-A" (**SEC ID N°: 13**) (plásmido pMON115363) como la "variante 5'-C" (**SEC ID N°: 14**) (plásmido pMON115349) se ensayaron usando transfección transitoria de *Nicotiana benthaminiana* (similar al ejemplo descrito en el ejemplo 2), y se halló que también inhibía la supresión mediada por miRGL1 del gen diana GFP, aunque no con tan gran alcance que el bloqueador de la escisión original miRGL1-CB (**SEC ID N°: 7**).

El ejemplo anterior sirve como orientación para la producción y uso de un bloqueador de la escisión (o un bloqueador de la escisión modificado en 5') útil para inhibir la supresión mediada por miARN de un gen diana. Es evidente para un experto habitual en la materia que no es necesario el conocimiento del gen diana en sí, solo la secuencia de la secuencia de miARN maduro o de un precursor de miARN que se procese en el miARN maduro (o, como alternativa, el conocimiento de la secuencia del sitio de reconocimiento de miARN) en combinación con las enseñanzas de la presente solicitud, para idear un bloqueador de la escisión (o de un bloqueador de la escisión modificado en 5') para inhibir los efectos de silenciamiento génico de un miARN dado.

Por lo tanto, la presente solicitud proporciona además y reivindica nuevos bloqueadores de la escisión y bloqueadores de la escisión modificados en 5' para todas las secuencias de miARN que se han desvelado públicamente, incluyendo, pero sin limitación, los miARN disponibles en miRBase (microna.sanger.ac.uk), y los miARN maduros y precursores de miARN desvelados en las Solicitudes de Patente de Estados Unidos 11/303.745 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2006/0200878), 11/974.469 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2009-0070898 A1), 11/868.081 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2008/0115240), 10/884.374 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2005/0144669), y 10/490.955 (actualmente Patente de Estados Unidos 7.232.806).

Ejemplo 3

Este ejemplo proporciona realizaciones de genes diana identificados como "dianas de miARN validadas" (es decir, que contienen un sitio de reconocimiento de miARN validado). Las construcciones de ADN recombinantes de la presente invención son útiles para modular la expresión de dichos genes diana y para producir células vegetales, tejidos vegetales y plantas transgénicas no naturales (especialmente plantas de cultivo transgénicas no naturales) que tienen rendimiento mejorado u otros rasgos deseables.

La predicción de un sitio de reconocimiento se logra usando procedimientos conocidos en la técnica, tales como reglas de complementariedad de secuencia, tal como se describen por Zhang (2005) *Nucleic Acids Res.*, 33:W701-704 y por Rhoades y col. (2002) *Cell*, 110:513-520. Un procedimiento para validar de manera experimental sitios de reconocimiento de miARN predichos es la técnica conocida como amplificación rápida mediada por ARN ligasa de extremos 5' de ADN ("5' RLM-RACE" o "5' RACE"), que identifica patrones de escisión de miARN; véase, por ejemplo, Kasschau y col. (2003) *Dev. Cell*, 4:205-217, y Llave y col. (2002) *Science*, 297:2053-2056. Esta estrategia se basa en la ligadura de una molécula adaptadora de ARN al extremo 5' del sitio de escisión y es dependiente del fosfato 5' dejado por enzimas RNasa III, incluyendo Ago1. Los productos resultantes de la PCR se secuencian y el número relativo de clones que se alinean con el sitio de escisión predicho de miARN entre los nucleótidos 10 y 11 en relación al extremo 5' de miARN proporciona una estimación de la actividad de miARN.

Aunque el estándar para la validación de una diana de miARN predicha es la verificación experimental de la escisión

predicha, la validación computacional también es extremadamente útil para proporcionar un conjunto de genes diana potenciales que tiene un tamaño manejable o práctico. Pueden usarse al menos dos estrategias de validación computacional basadas en la homología de los miARN y de las dianas de miARN predichas. Una estrategia compara las dianas predichas con dianas verificadas experimentalmente; la diana predicha se valida computacionalmente si es homóloga a una diana validada experimentalmente. Se espera que esta estrategia identifique dianas de miARN con elevada confianza y que se haga cada vez más importante a medida que haya disponibles más dianas validadas experimentalmente. La segunda estrategia compara secuencias de dos especies cuando no hay disponible información de la diana de miARN conocida. Si tanto los miARN como las dianas de miARN predichas están conservadas en ambas especies, entonces las dianas predichas en ambas especies se consideran validadas.

En este ejemplo, se usó la primera estrategia, en la que la validación computacional de las dianas de miARN predichas se basó en la homología de las dianas predichas y las dianas conocidas. Se creó una lista de genes diana de miARN de plantas verificados experimentalmente mediante una exploración a conciencia de dianas de miARN de arroz (Sunkar y col. (2005) *Plant Cell*, 17:1397-1411; Luo y col. (2006) *FEBS Lett.*, 580:5111-5116), musgo (*Physcomitrella patens*) (Axtell y col. (2007) *Plant Cell*, 19:1750-1769; Fattash y col. (2007) *BMC Plant Biol.*, 7:13), álamo (Lu y col. (2005) *Plant Cell*, 17:2186-2203), alga verde (Molnar y col. (2007) *Nature*, 447:1126-1130), y maíz (Lauter y col. (2005) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 102:9412-9417). A esta lista se le añadieron 203 locus de *Arabidopsis thaliana* a partir del proyecto accesible Arabidopsis Small RNA (disponible en línea en asrp.cgrb.oregonstate.edu/db/microRNAfamily.html). A partir de esta lista, se compiló un diccionario de palabras clave de función génica a partir de la anotación funcional disponible, incluyendo variantes de palabras clave conocidas (**tabla 1**).

Cualquier anotación funcional de una diana de miARN predicha se buscó respecto de una coincidencia con las palabras clave del diccionario. Se desarrolló un algoritmo computacional para hacer que coincida la palabra clave más larga en primer lugar, la segunda más larga en segundo lugar, y así sucesivamente, para reducir falsos positivos en las coincidencias de palabras clave. En los casos donde se encontró una coincidencia, la diana predicha se consideró validada. Esta estrategia se aplicó a dianas de miARN que se habían predicho a partir de bases de datos de secuencia propias de diversas especies de planta; las dianas de miARN validadas computacionalmente identificadas de este modo se proporcionan en la **tabla 2**.

La identificación de dianas de miARN validadas permite la manipulación de la interacción entre un miARN dado y su gen diana (ya sea un gen nativo o un transgén que contiene un sitio de reconocimiento de miARN validado). Por ejemplo, la sobreexpresión de un gen diana que contiene una diana de miARN validada (sitio de reconocimiento de miARN validado) se espera que reduzca el efecto de ese miARN particular en la red o redes bioquímicas que implican al miARN.

Como alternativa, puede usarse un transcrito artificial que incluye la misma secuencia de miARN (o una modificada para prevenir la escisión por una ribonucleasa RNasa II) como "señuelo" de miARN (tal como se describe en la Solicitud de Patente de Estados Unidos 11/974.469 asignada conjuntamente, publicada como Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2009-0070898 A1), que compite con el gen diana endógeno por la unión a ese miARN particular y de este modo reduciendo el efecto del miARN (por ejemplo, supresión del gen diana y reducción del efecto del miARN y otros genes cadena abajo del gen diana) en la red o redes bioquímicas que implican al miARN. El conocimiento de las dianas de miARN validadas desveladas en el presente documento permite a un experto habitual en la técnica usar las secuencias diana de miARN como armazones para diseñar secuencias artificiales útiles como señuelos de miARN transgénicos para reducir el efecto del miARN en su gen (o sus genes) diana, o para identificar secuencias endógenas que son útiles de manera similar como señuelos de miARN. Por lo tanto, la presente solicitud proporciona además y reivindica señuelos de miARN para las dianas de miARN validadas desveladas en el presente documento, así como señuelos de miARN para todas las secuencias de miARN que se han desvelado públicamente, incluyendo, pero sin limitación, los miARN disponibles en miRBase (microna.sanger.ac.uk), y los miARN maduros y precursores de miARN desvelados en las Solicitudes de Patente de Estados Unidos 11/303.745 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2006/0200878), 11/974.469 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2009-0070898 A1), 11/868.081 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2008/0115240), 10/884.374 (publicada como la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2005/0144669), y 10/490.955 (actualmente Patente de Estados Unidos 7.232.806).

En otra realización más, la invención proporciona además un transgén que no responde a miARN modificando la secuencia de un sitio de reconocimiento de miARN en el transgén para prevenir la unión y/o escisión por ese miARN particular. En un ejemplo, puede lograrse la expresión aumentada de un gen que normalmente se modula por miARN endógeno expresando una construcción de ADN recombinante que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa del gen pero en la que se elimina un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa o se modifica de otro modo para prevenir la escisión mediada por miARN. En otra realización más, la presente invención proporciona una secuencia de transgén que se modifica mediante la adición de un sitio de reconocimiento de miARN para poner al transgén bajo el control de ese miARN particular; en una variación de esto, se produce una planta transgénica introduciendo en su genoma el transgén así como un precursor exógeno del miARN particular, es decir, regular el transgén.

Tabla 1: diccionario de palabras clave de dianas de miARN

miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa, Unión a promotor de Squamosa, Unión a promotor de Squamosa, similar a SBP, SPL, SPL2, SPL15, SPL9, SPL13, SPL4, SPL10, SPL6, SPL11, proteína que contiene dominio SBP, dominio SBP, dominio SBP, arquitectura de gluma de teosinte, tga1
miR157	Proteína de unión a promotor de Squamosa, Unión a promotor de Squamosa, Unión a promotor de Squamosa, similar a SBP, SPL, SPL2, SPL15, SPL9, SPL13, SPL4, SPL10, SPL6, SPL11, proteína que contiene dominio SBP, dominio SBP, dominio SBP, arquitectura de gluma de teosinte, tga1
miR158	Repetición de pentatricopéptido, pentatricopéptido (PPR), PPR, repetición de PPR, pentatricopéptido
miR159	MYB, AtMYB65, AtMYB101, AtMYB104, GAMyB, proteína de dominio myb, dominio myb, proteína myb, DUO1, MYB120, MYB97, MYB65, MYB33, dominio de unión a ADN similar a myb, similar a myb, unión a ADN similar a myb
miR160	Factor de respuesta a auxina, ARF, ARF10, ARF16, ARF17, proteína que contiene dominio de unión a ADN B3, dominio B3, dominio de unión a ADN B3, contiene dominio B3
miR161	Repetición de pentatricopéptido, pentatricopéptido (PPR), PPR, repetición de PPR, EMB2654, EMBRYO DEFECTIVE 2654, pentatricopéptido
miR162	similar a Dicer 1, similar a Dicer1, similar a Dicer 1, DCL, DCL1, CAF, SUS1, SIN1, ASU1, EMB76, EMB60, Dicer
miR163	metiltransferasa dependiente de S-adenosilmetionina, SAMT, S-adenosil-L-metionina:carboxil metiltransferasa, metiltransferasa
miR164	Cotiledón en forma de taza, Cotiledón en forma de taza, CUC, NAM, NAC, CUC2, CUC1, similar a NAM, NAC1, Sin meristemo apical, ATAF, ANAC079/ANAC080, ANAC100, ANAC092, proteína de dominio NAC, dominio NAC, proteína que contiene dominio NAC, contiene dominio NAC
miR165	Phavoluta, Phabulosa, Revoluta, Corona, PHB, PFV, CNA, HD-ZIPIII, HD-ZIP, HD ZIP, REV, PHV, AtHB8, AtHB15, ICU4, ATHB-15, INCURVATA 4, IFL, IFL1, proteína HD-ZIP de clase III de HD-Zip, clase III de HZ-ZIP, proteína HD-Zip, proteína HD-ZIP de clase III, HD-ZIP de clase III, homeodominio/cremallera de leucina, hoja enrollada (rld1), hoja enrollada 1 hoja enrolada, rld1, gen HB1, HB1, HD-ZIP III
miR166	Phavoluta, Phabulosa, Revoluta, Corona, PHB, PFV, CNA, HD-ZIPIII, HD-ZIP, HD ZIP, REV, PHV, AtHB8, AtHB15, ICU4, ATHB-15, INCURVATA 4, IFL, IFL1, proteína HD-ZIP de clase III de HD-Zip, clase III de HZ-ZIP, proteína HD-Zip, proteína HD-ZIP de clase III, HD-ZIP de clase III, homeodominio/cremallera de leucina, hoja enrollada1 (rld1), hoja enrollada 1 hoja enrolada, rld1, gen HB1, HB 1, HD-ZIP III
miR167	Factor de respuesta a auxina, ARF, ARF6, ARF8
miR168	Argonauta, AGO, AGO1, PINHEAD, ZWILLE, ZLL, AGO2, AGO3, AGO4, AGO5, AGO6, AGO7, AGO8, AGO9, AGO10, PNH/ZLL
miR169	factor Y de transcripción nuclear, HAP2, CCAAT, unión a CCAAT, NFYa, HAP2b, similar a HAP2b, similar a HAP2ab, similar a HAP2c, HAP2c, HAP2a, similar a HAP2a
miR170	Similar a Scarecrow, Scarecrow, SCL, regulador génico de SCARECROW, gen SCARECROW, factores de transcripción de Scarecrow/GRAS, GRAS, Scarecrow/GRAS, proteína de ruta de señalización de nodulación 2, ruta de señalización de nodulación 2, Ruta de Señalización de Nodulación 2, NSP2, ruta de señalización de nodulación, Ruta de Señalización de Nodulación, NSP1
miR171	Similar a Scarecrow, Scarecrow, SCL, regulador génico de SCARECROW, gen SCARECROW, factores de transcripción de Scarecrow/GRAS, GRAS, Scarecrow/GRAS, proteína de ruta de señalización de nodulación 2, ruta de señalización de nodulación 2, Ruta de Señalización de Nodulación 2, NSP2, ruta de señalización de nodulación, Ruta de Señalización de Nodulación, NSP1
miR172	Apetala, AP2, TOE1, TOE2, TOE3, SMZ, SNZ, Diana de EAT, TOE, Schnarchzapfen SCHLAFMUTZE, Glossy15, Glossy-15, Glossy 15, proteína que contiene dominio AP2, proteína de dominio AP2, dominio AP2, proteína homeótica floral Apetala APETALA2, proteína homeótica floral Apetala, proteína Apetala, APETALA2
miR173	TAS

(continuación)

miR319	Teosinte ramificado, Cicloidea, PCF, TCP, TCP2, TCP3, TCP4, TCP10, TCP24, factor de transcripción de familia TCP, familia TCP, proteína de dominio TCP, proteína de dominio TCP, detención embrionaria de efecto materno, Ciclina, CyCA, CyCB, CyCC, CyCD, CyCH, CyCT, CyCU
miR390	TAS3, TAS, Ser/Thr/Tyr proteín cinasa, Ser/Thr/Tyr
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte, TIR, TIRI, Caja F, Caja F, proteína de la familia de caja F, proteína de la familia de caja F, familia de caja F, familia de caja F, IPS1, GRH1, GRR1-LIKE, ubiquitina proteína ligasa, ubiquitina proteína ligasa, proteína de la familia hélice-bucle-hélice (nHLH) básica, bHLH, hélice-bucle-hélice básico, proteína que contiene dominio de caja F, proteína de dominio de caja F, dominio de caja F
miR394	Caja F, Caja F, proteína de la familia de caja F, proteína de la familia de caja F, familia de caja F, familia de caja F, proteína que contiene dominio de caja F, proteína de dominio de caja F, dominio de caja F
miR395	APS, AST, ATP-sulfurilasa, transportador de sulfato, transportador de sulfato, AST68, APS 1, APS3, APS4, ATP sulfurilasa, sulfato adeniltransferasa, Transportador de sulfato
miR396	Factor de regulación del crecimiento, GRL, GRF, GROWTH-REGULATING FACTOR, GROWTH REGULATING FACTOR, AtGRF3, AtGRF4, AtGRF8, AtGRF7, AtGRF1 AtGRF2, AtGRF
miR397	Laccasa, LAC, PCL, plantacianina, plastacianina, proteína de unión a cobre azul, IRX12, unión a ion de cobre
miR398	Superóxido dismutasa de cobre, superóxido dismutasa 2, CSD, CSD2, COPPER/ZINC SUPEROXIDE DISMUTASE, COPPER ZINC SUPEROXIDE DISMUTASE, COPPER-ZINC SUPEROXIDE DISMUTASE, citocromo c oxidasa, citocromoc oxidasa, citocromo-c oxidasa
miR399	Enzima de conjugación a ubiquitina E2, PH02, ubiquitina proteína ligasa, ubiquitina proteína ligasa, UBC24, enzima de conjugación a ubiquitina, conjugación a ubiquitina
miR400	Repetición de pentatricopéptido, pentatricopéptido (PPR), PPR, EMB2745, EMBRYO DEFECTIVE 2745, pentatricopéptido
miR402	DML3, DEMETER-LIKE PROTEIN 3, DEMETER-LIKE PROTEIN, DEMETER LIKE PROTEIN
miR403	AGO, Argonauta, AGO2
miR408	Laccasa, LAC, LAC3, PCL, plantacianina, plastacianina, proteína de unión a cobre azul, unión a cobre azul, ARPN, unión a ion de cobre, proteína de cobre azul
miR444	caja de MADS, caja de MADS, MADS
miR447	relacionado con 2-fosfoglicerato cinasa, 2-fosfoglicerato cinasa, fosfoglicerato cinasa
miR472	RFL1, RPS5, RPS5-LIKE 1, unión a ATP, RPS5, RESISTANT TO P. SYRINGAE 5, proteína de resistencia a enfermedad (clase CC-NBS-LRR), proteína de resistencia a enfermedad, CC-NBS-LRR, proteína de resistencia a enfermedad NBS-LRR, proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,
miR473	proteína que contiene dominio GRAS, AtGAI, AtLAS, AtPAT1, AtRGA, AtRGL1, AtRGL2, AtRGL3, AtSCL1, AtSCL11, AtSCL13, AtSCL14, AtSCL15, AtSCL16, AtSCL18, AtSCL21, AtSCL22, AtSCL23, AtSCL26, AtSCL27, AtSCL28, AtSCL29, AtSCL3, AtSCL30, AtSCL31, AtSCL32, AtSCL33, AtSCL4, AtSCL5, AtSCL6, AtSCL7, AtSCL8, AtSCL9, AtSCR, AtSHR, REPRESSOR, RGA2, RGA-LIKE 1, RGL, RGL1, SGR7, VHS4, VHS5
miR474	Repetición de pentatricopéptido, pentatricopéptido (PPR), PPR, repetición de PPR, EMB2654, EMBRYO DEFECTIVE 2654, pentatricopéptido
miR475	Repetición de pentatricopéptido, pentatricopéptido (PPR), PPR, repetición de PPR, EMB2654, EMBRYO DEFECTIVE 2654, pentatricopéptido
miR476	Repetición de pentatricopéptido, pentatricopéptido (PPR), PPR, repetición de PPR, EMB2654, EMBRYO DEFECTIVE 2654, pentatricopéptido
miR477	Factor de transcripción de hélice-bucle-hélice básico (bHLH), unión a factor de transcripción/ion zinc similar a CONSTANS, proteína que contiene dominio GRAS, bHLH, GRAS, similar a CONSTANS, CONSTANS

ES 2 563 485 T3

(continuación)

miR478	proteína similar a transportador aniónico orgánico, transportador aniónico orgánico
miR480	Proteína de transporte de oligopéptidos dependiente de protones, Transporte de oligopéptidos dependiente de protones, Transporte de oligopéptidos dependiente de protones
miR482	Proteína supuesta de resistencia a enfermedad, proteína de resistencia a enfermedad, resistencia a enfermedad
miR529	Factor de respuesta a etileno/factor de transcripción de dominio AP2, erf/ap2, Factor de respuesta a etileno/AP2
miR534	Proteínas de repetición de anquirina, Proteínas de repetición de anquirina, Proteína de repetición de anquirina, Repetición de anquirina, Repetición de anquirina
miR536	Caja F, Caja F, proteína de la familia de caja F, proteína de la familia de caja F, familia de caja F, familia de caja F, proteína de caja F
miR538	caja de MADS, MADS
miR771	Proteína de la familia de factor de iniciación de la traducción eucariota 2, proteína de la familia eIF-2, eIF-2, eIF2
miR773	DMT02, DMT2, MET02, MET2, ADN metiltransferasa 2, ADN (citosina-5-)-metiltransferasa
miR774	familia de caja F, Caja F, Caja F, proteína que contiene dominio de caja F, proteína de dominio de caja F, dominio de caja F
miR775	proteína de la familia de galactosiltransferasa, familia de galactosiltransferasa, galactosiltransferasa
miR776	IRE, INCOMPLETE ROOT HAIR ELONGATION
miR777	relacionado con proteína que interactúa con COP1, proteína que interactúa con COP1, interactúa con COP1, interactúa con COP1
miR778	dominio SET, SET, SUVH6, SUVH5, homólogo de SU(VAR)3-9
miR779	proteína cinasa transmembrana de repetición rica en leucina, repetición rica en leucina, repetición rica en leucina, proteína cinasa transmembrana, transmembrana
miR780	CHX18, ATCHX18, intercambiador de cationes/hidrógeno 18, antiportador monovalente de catión:protones, antiportador de protones
miR781	InterPro:IPR003169, proteína que contiene dominio BAF60b de complejo SWIB, dominio BAF60b de complejo SWIB, SWIB, BAF60b, proteína que contiene dominio plus-3, dominio plus-3, plus-3, proteína que contiene dominio GYF, dominio GYF
miR809	gen de proteína resistente a enfermedad Mlo, similar a Mlo, Mlo
miR818	gen de proteína de dominio ENT, dominio ENT, dominio ENT
miR820	ADN citosina metiltransferasa, citosina metiltransferasa
miR823	CMT3, CHROMOMETHYLASE 3, CHROMOMETHYLASE
miR824	caja de MADS, MADS, AGL16, AGAMOUS-LIKE, AGAMOUS
miR827	SPX, NLA, SYG1/Pho81/XPR1, dedo de cinc, dedo de cinc, dedo RING tipo C3HC4, C3HC4
miR828	MYB, proteína de dominio myb, proteína myb, AtMYB113, MYB113, proteína similar a MYB, similar a myb, unión a ADN similar a myb
miR842	JR/MBP, proteína familia de lectina de jacalina, familia de lectina de jacalina, lectina de jacalina, jacalina, lectina
miR844	proteína de la familia de proteína cinasa, familia de proteína cinasa, proteína cinasa
miR846	JR/MBP, InterPro:IPR001229, proteína inducible por jasmonato, proteína familia de lectina de jacalina, familia de lectina de jacalina, lectina de jacalina, jacalina, lectina
miR856	Transportador de cinc, Transportador de cinc, ACHX18, ATCHX18 ATCHX18, intercambiador de cationes/hidrógeno 18, intercambiador de cationes/hidrógeno, antiportador monovalente de catión:protones, antiportador de protones, antiportador
miR857	LAC, LAC7, lacasa 7, unión a ion de cobre, unión a ion de cobre

(continuación)

miR858	MYB, proteína de dominio myb, proteína myb, MYB12, AtMYB12, AtMYB83, MYB83, proteína similar a MYB, similar a myb, unión a ADN similar a myb
miR859	Caja F, Caja F, proteína de la familia de caja F, proteína de la familia de caja F, familia de caja F, familia de caja F, proteína de caja F, InterPro:IPR006527, proteína de la familia de UDP-3-O-acil N-acetilglucosamina desacetilasa, familia de UDP-3-O-acil N-acetilglucosamina desacetilasa, UDP-3-O-acil N-acetilglucosamina desacetilasa, UDP-3-O-acil N-acetilglucosamina, proteína que contiene dominio de caja F, proteína de dominio de caja F, dominio de caja F
miR902	Factor de transcripción de hélice-bucle-hélice básico (bHLH), bHLH
miR904	AGO, Argonauta
miR1029	Factor de respuesta a etileno/factor de transcripción de dominio AP2, Factor de respuesta a etileno, Factor de respuesta a etileno, erf/AP2
miR1219c	Factores de respuesta a auxina, Factor de respuesta a auxina, arf

Tabla 2: Dianas de miARN validadas computacionalmente

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR156/157	SPL	15	PHE0014564	<i>Arabidopsis thaliana</i>
miR156/157	SPL	16	PHE0014996	<i>A. thaliana</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	17	PHE0004508	<i>A. thaliana</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	18	PHE0004925	<i>A. thaliana</i>
miR160	ARF	19	PHE0003525	<i>A. thaliana</i>
miR164	ANAC092	20	PHE0013733	<i>A. thaliana</i>
miR164	proteína de dominio NAC	21	PHE0001074	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	22	PHE0008129	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	23	PHE0010493	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	24	PHE0012654	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	25	PHE0007271	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	26	PHE0007467	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	27	PHE0007720	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	28	PHE0010355	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	29	PHE0010473	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	30	PHE0010494	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	31	PHE0010495	<i>A. thaliana</i>
miR165/166	Revoluta	32	PHE0010537	<i>A. thaliana</i>
miR166	Revoluta	33	PHE0010496	<i>A. thaliana</i>
miR166	Revoluta	34	PHE0010497	<i>A. thaliana</i>
miR166	Revoluta	35	PHE0010500	<i>A. thaliana</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR167	ARF	36	PHE0003428	<i>A. thaliana</i>
miR172	AP2	37	PHE0003881	<i>A. thaliana</i>
miR172	dominio AP2	38	PHE0006606	<i>A. thaliana</i>
miR393	Caja F	39	PHE0007151	<i>A. thaliana</i>
miR393	Caja F	40	PHE0007164	<i>A. thaliana</i>
miR393	Caja F	41	PHE0007167	<i>A. thaliana</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	42	PHE0004988	<i>A. thaliana</i>
miR396	GRL	43	PHE0004617	<i>A. thaliana</i>
miR778	dominio SET	44	PHE0006443	<i>A. thaliana</i>
miR779	proteína cinasa transmembrana de repetición rica en leucina	45	PHE0002993	<i>A. thaliana</i>
miR858	MYB	46	PHE0001073	<i>A. thaliana</i>
miR858	MYB	47	PHE0001093	<i>A. thaliana</i>
miR858	MYB	48	PHE0002073	<i>A. thaliana</i>
miR858	MYB	49	PHE0010073	<i>A. thaliana</i>
miR858	MyB	50	PHE0011722	<i>A. thaliana</i>
miR858	MyB	51	PHE0015935	<i>A. thaliana</i>
miR859	Caja F	52	PHE0003311	<i>A. thaliana</i>
miR859	Caja F	53	PHE0006468	<i>A. thaliana</i>
miR902	bHLH	54	PHE0000658	<i>A. thaliana</i>
miR902	bHLH	55	PHE0006524	<i>A. thaliana</i>
miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	56	MRT3708_37334C.1	Colza (<i>Brassica napus</i> o <i>Brassica rapa</i>)
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	57	MRT3708_10628C.4	Colza
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	58	MRT3708_22559C.1	Colza
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	59	MRT3708_30289C.3	Colza
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	60	MRT3708_39670C.2	Colza
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	61	MRT3708_53675C.1	Colza

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	62	MRT3708_58630C.1	Colza
miR159	MYB	63	MRT3708_33278C.1	Colza
miR159	MYB	64	MRT3708_33279C.1	Colza
miR163	metiltransferasa	65	MRT3708_16440C.1	Colza
miR163	metiltransferasa	66	MRT3708_28174C.1	Colza
miR163	metiltransferasa	67	MRT3708_52155C.2	Colza
miR164	NAM	68	MRT3708_39966C.1	Colza
miR164	Sin meristemo apical	69	MRT3708_51022C.1	Colza
miR164	Sin meristemo apical	70	MRT3708_7877C.4	Colza
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	71	MRT3708_45624C.1	Colza
miR165/166	proteína HD-Zip	72	MRT3708_5493C.1	Colza
miR167	Factor de respuesta a auxina	73	MRT3708_37499C.2	Colza
miR167	Factor de respuesta a auxina	74	MRT3708_50323C.1	Colza
miR169	unión a CCAAT	75	MRT3708_45516C.2	Colza
miR169	unión a CCAAT	76	MRT3708_46224C.1	Colza
miR169	unión a CCAAT	77	MRT3708_56325C.1	Colza
miR169	factor Y de transcripción nuclear	78	MRT3708_42756C.1	Colza
miR170/171	regulador génico de SCARECROW	79	MRT3708_34048C.2	Colza
miR172	AP2	80	MRT3708_39387C.1	Colza
miR172	dominio AP2	81	MRT3708_36942C.2	Colza
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	82	MRT3708_31301C.1	Colza
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	83	MRT3708_52518C.1	Colza
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	84	MRT3708_55951C.1	Colza
miR394	Caja F	85	MRT3708_61891C.1	Colza
miR395	ATP sulfurilasa	86	MRT3708_35187C.3	Colza
miR395	sulfato adenililtransferasa	87	MRT3708_36129C.1	Colza
miR395	sulfato adenililtransferasa	88	MRT3708_55043C.1	Colza

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR396	factor de regulación del crecimiento	89	MRT3708_29578C.1	Colza
miR396	factor de regulación del crecimiento	90	MRT3708_51563C.1	Colza
miR398	citocromo c oxidasa	91	MRT3708_47361C.2	Colza
miR400	PPR	92	MRT3708_57455C.1	Colza
miR408	proteína de cobre azul	93	MRT3708_29149C.3	Colza
miR472	unión a ATP	94	MRT3708_45273C.1	Colza
miR472	unión a ATP	95	MRT3708_55890C.1	Colza
miR472	unión a ATP	96	MRT3708_55902C.2	Colza
miR824	caja de MADS	97	MRT3708_59018C.1	Colza
miR827	dedo de cinc	98	MRT3708_29390C.1	Colza
miR828	unión a ADN similar a myb	99	MRT3708_31708C.1	Colza
miR856	antiportador	100	MRT3708_61144C.1	Colza
miR857	LAC	101	MRT3708_24461C.1	Colza
miR858	MYB	102	MRT3708_31372C.1	Colza
miR858	unión a ADN similar a myb	103	MRT3708_16589C.4	Colza
miR858	unión a ADN similar a myb	104	MRT3708_29291C.3	Colza
miR858	unión a ADN similar a myb	105	MRT3708_54665C.1	Colza
miR858	unión a ADN similar a myb	106	MRT3708_61897C.1	Colza
miR859	dominio de caja F	107	MRT3708_51653C.1	Colza
miR167	Factor de respuesta a auxina	108	NMT3711_1592C.1	Mostaza silvestre (<i>Brassica rapa</i> o <i>Brassica campestris</i>)
miR168	Argonauta	109	MRT3711_4500C.2	Mostaza silvestre
miR169	factor Y de transcripción nuclear	110	MRT3711_4547C.1	Mostaza silvestre
miR172	AP2	111	MRT3711_6838C.1	Mostaza silvestre
miR319	PCF	112	MRT3711_7220C.1	Mostaza silvestre
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	113	MRT3711_1771C.1	Mostaza silvestre
miR395	sulfato adenililtransferasa	114	MRT3711_3394C.1	Mostaza silvestre
miR395	sulfato adenililtransferasa	115	MRT3711_4165C.1	Mostaza silvestre
miR395	sulfato adenililtransferasa	116	MRT3711_4313C.1	Mostaza silvestre
miR472	unión a ATP	117	MRT3711_7972C.1	Mostaza silvestre

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR827	dedo de cinc	118	MRT3711_10064C.1	Mostaza silvestre
miR858	unión a ADN similar a myb	119	MRT3711_7980C.1	Mostaza silvestre
miR156/157	dominio SBP	120	MRT3847_197471C.3	<i>Glycine max</i>
miR156/157	dominio SBP	121	MRT3847_202791C.3	<i>G. max</i>
miR156/157	dominio SBP	122	MRT3847_28990C.5	<i>G. max</i>
miR156/157	dominio SBP	123	MRT3847_39715C.7	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	124	MRT3847_207934C.2	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	125	MRT3847_257545C.4	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	126	MRT3847_217782C.3	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	127	MRT3847_235081C.4	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	128	MRT3847_235082C.6	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	129	MRT3847_289291C.3	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	130	MRT3847_335568C.1	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	131	MRT3847_350831C.1	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	132	MRT3847_14683C.5	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	133	MRT3847_237444C.4	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	134	MRT3847_329752C.1	<i>G. max</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	135	MRT3847_334134C.1	<i>G. max</i>
miR156/157	arquitectura de gluma de teosinte	136	MRT3847_338602C.1	<i>G. max</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	137	MRT3847_345009C.1	<i>G. max</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	138	MRT3847_346338C.1	<i>G. max</i>
miR160	ARF	139	PHE0003526	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	140	MRT3847_139013C.5	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR160	Factor de respuesta a auxina	141	MRT3847_197785C.3	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	142	MRT3847_239685C.2	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	143	MRT3847_269589C.4	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	144	MRT3847_28328C.3	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	145	MRT3847_289982C.2	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	146	MRT3847_37862C.4	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	147	MRT3847_41982C.5	<i>G. max</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	148	MRT3847_52071C.7	<i>G. max</i>
miR161	pentatricopéptido	149	MRT3847_4014C.4	<i>G. max</i>
miR161	PPR	150	MRT3847_20482C.2	<i>G. max</i>
miR161	PPR	151	MRT3847_227121C.4	<i>G. max</i>
miR164	proteína de dominio NAC	152	MRT3847_46332C.2	<i>G. max</i>
miR164	proteína de dominio NAC	153	MRT3847_46333C.6	<i>G. max</i>
miR164	NAC1	154	PHE0001363	<i>G. max</i>
miR164	NAM	155	MRT3847_244824C.2	<i>G. max</i>
miR164	Sin meristemo apical	156	MRT3847_259513C.2	<i>G. max</i>
miR164	Sin meristemo apical	157	MRT3847_270117C.3	<i>G. max</i>
miR164	Sin meristemo apical	158	MRT3847_48464C.4	<i>G. max</i>
miR164	Sin meristemo apical	159	MRT3847_48465C.6	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	160	MRT3847_209034C.4	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	161	MRT3847_233286C.5	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	162	MRT3847_248020C.5	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	163	MRT3847_288367C.4	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	164	MRT3847_296736C.1	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	165	MRT3847_326691C.1	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	166	MRT3847_345104C.1	<i>G. max</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	167	MRT3847_348410C.1	<i>G. max</i>
miR166	Caja homeostática	168	PHE0003454	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR167	ARF	169	PHE0003655	<i>G. max</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	170	MRT3847_195447C.5	<i>G. max</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	171	MRT3847_263906C.5	<i>G. max</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	172	MRT3847_305421C.4	<i>G. max</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	173	MRT3847_340154C.1	<i>G. max</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	174	MRT3847_41926C.6	<i>G. max</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	175	MRT3847_55334C.5	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	176	MRT3847_251095C.3	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	177	MRT3847_259875C.4	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	178	MRT3847_293871C.3	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	179	MRT3847_305217C.3	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	180	MRT3847_347487C.1	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	181	MRT3847_40604C.6	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	182	MRT3847_53466C.6	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	183	MRT3847_53467C.5	<i>G. max</i>
miR169	unión a CCAAT	184	MRT3847_54675C.6	<i>G. max</i>
miR169	NFYa	185	PHE0011547	<i>G. max</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	186	MRT3847_25786C.5	<i>G. max</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	187	MRT3847_289667C.3	<i>G. max</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	188	MRT3847_312701C.1	<i>G. max</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	189	MRT3847_335193C.1	<i>G. max</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	190	MRT3847_51286C.6	<i>G. max</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	191	MRT3847_54010C.4	<i>G. max</i>
miR170/171	Similar a Scarecrow	192	MRT3847_41579C.4	<i>G. max</i>
miR171	GRAS	193	MRT3847_267119C.3	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR171	GRAS	194	MRT3847_270988C.3	<i>G. max</i>
miR171	GRAS	195	MRT3847_275596C.2	<i>G. max</i>
miR171	GRAS	196	MRT3847_294457C.2	<i>G. max</i>
miR171	GRAS	197	MRT3847_344862C.1	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	198	PHE0000638	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	199	MRT3847_202930C.3	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	200	MRT3847_21933C.5	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	201	MRT3847_235857C.3	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	202	MRT3847_257655C.4	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	203	MRT3847_289890C.3	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	204	MRT3847_289891C.3	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	205	MRT3847_295726C.1	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	206	MRT3847_326790C.1	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	207	MRT3847_329301C.1	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	208	MRT3847_43925C.7	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	209	MRT3847_46007C.5	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	210	MRT3847_51633C.3	<i>G. max</i>
miR172	dominio AP2	211	MRT3847_59804C.6	<i>G. max</i>
miR172	APETALA2	212	MRT3847_196945C.3	<i>G. max</i>
miR319	Ciclina	213	MRT3847_238163C.3	<i>G. max</i>
miR319	PCF	214	MRT3847_262919C.1	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	215	MRT3847_230131C.1	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	216	MRT3847_304168C.2	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	217	MRT3847_336868C.1	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	218	MRT3847_343365C.1	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	219	MRT3847_38312C.5	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	220	MRT3847_103008C.6	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	221	MRT3847_12165C.5	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR319	factor de transcripción de familia TCP	222	MRT3847_247420C.4	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	223	MRT3847_294519C.4	<i>G. max</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	224	MRT3847_334277C.1	<i>G. max</i>
miR390	TAS	225	MRT3847_133706C.5	<i>G. max</i>
miR390	TAS	226	MRT3847_298568C.2	<i>G. max</i>
miR390	TAS	227	MRT3847_60306C.8	<i>G. max</i>
miR393	TIRI	228	MRT3847_238705C.4	<i>G. max</i>
miR393	TIR1	229	MRT3847_27973C.7	<i>G. max</i>
miR393	TIR1	230	MRT3847_313402C.3	<i>G. max</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	231	MRT3847_329954C.2	<i>G. max</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	232	MRT3847_335477C.1	<i>G. max</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	233	MRT3847_44371C.6	<i>G. max</i>
miR394	dominio de caja F	234	MRT3847_249313C.3	<i>G. max</i>
miR394	dominio de caja F	235	MRT3847_260044C.4	<i>G. max</i>
miR395	AST	236	MRT3847_118061C.7	<i>G. max</i>
miR395	AST	237	MRT3847_120571C.4	<i>G. max</i>
miR395	AST	238	MRT3847_161863C.4	<i>G. max</i>
miR395	AST	239	MRT3847_233832C.4	<i>G. max</i>
miR395	AST	240	MRT3847_294717C.3	<i>G. max</i>
miR395	AST	241	MRT3847_303988C.3	<i>G. max</i>
miR395	AST	242	MRT3847_336528C.1	<i>G. max</i>
miR395	AST	243	MRT3847_55707C.5	<i>G. max</i>
miR395	ATP sulfurilasa	244	MRT3847_14792C.7	<i>G. max</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	245	MRT3847_331787C.1	<i>G. max</i>
miR395	transportador de sulfato	246	MRT3847_10451C.5	<i>G. max</i>
miR395	transportador de sulfato	247	MRT3847_245035C.3	<i>G. max</i>
miR396	GRF	248	PHE0001215	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	249	MRT3847_183050C.6	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR396	factor de regulación del crecimiento	250	MRT3847_200704C.5	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	251	MRT3847_21877C.7	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	252	MRT3847_275465C.2	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	253	MRT3847_285089C.5	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	254	MRT3847_307974C.3	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	255	MRT3847_34351C.6	<i>G. max</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	256	MRT3847_39577C.5	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	257	MRT3847_148737C.1	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	258	MRT3847_196074C.1	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	259	MRT3847_240006C.2	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	260	MRT3847_256982C.1	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	261	MRT3847_25859C.5	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	262	MRT3847_29767C.4	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	263	MRT3847_297900C.1	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	264	MRT3847_309594C.2	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	265	MRT3847_33656C.5	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	266	MRT3847_347553C.1	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	267	MRT3847_36695C.5	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	268	MRT3847_49069C.6	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	269	MRT3847_7864C.1	<i>G. max</i>
miR397	Laccasa	270	MRT3847_99867C.5	<i>G. max</i>
miR398	DISMUTASA DE COBRE/SUPERÓXIDO DE CINC	271	MRT3847_235546C.3	<i>G. max</i>
miR400	pentatricopéptido	272	MRT3847_12750C.4	<i>G. max</i>
miR400	pentatricopéptido	273	MRT3847_17367C.3	<i>G. max</i>
miR400	PPR	274	MRT3847_10096C.3	<i>G. max</i>
miR400	PPR	275	MRT3847_139832C.5	<i>G. max</i>
miR400	PPR	276	MRT3847_141759C.5	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR400	PPR	277	MRT3847_218904C.2	<i>G. max</i>
miR400	PPR	278	MRT3847_267668C.2	<i>G. max</i>
miR400	PPR	279	MRT3847_57083C.4	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	280	PHE0000330	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	281	MRT3847_273288C.3	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	282	MRT3847_329905C.2	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	283	MRT3847_336704C.1	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	284	MRT3847_343250C.1	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	285	MRT3847_346770C.1	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	286	MRT3847_349900C.1	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	287	MRT3847_350132C.1	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	288	MRT3847_60064C.6	<i>G. max</i>
miR408	proteína de cobre azul	289	MRT3847_66506C.8	<i>G. max</i>
miR408	Laccasa	290	MRT3847_296270C.2	<i>G. max</i>
miR408	Laccasa	291	MRT3847_31127C.7	<i>G. max</i>
miR444	caja de MADS	292	PHE0002647	<i>G. max</i>
miR444	caja de MADS	293	PHE0002648	<i>G. max</i>
miR444	caja de MADS	294	PHE0015540	<i>G. max</i>
miR444	caja de MADS	295	MRT3847_247970C.2	<i>G. max</i>
miR444	caja de MADS	296	MRT3847_259952C.3	<i>G. max</i>
miR472	unión a ATP	297	MRT3847_324977C.1	<i>G. max</i>
miR472	unión a ATP	298	MRT3847_335756C.1	<i>G. max</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	299	MRT3847_348618C.1	<i>G. max</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	300	MRT3847_292513C.3	<i>G. max</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	301	MRT3847_34971C.6	<i>G. max</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	302	MRT3847_159134C.1	<i>G. max</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	303	MRT3847_208382C.4	<i>G. max</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	304	MRT3847_229943C.2	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	305	MRT3847_262606C.4	<i>G. max</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	306	MRT3847_223192C.5	<i>G. max</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	307	MRT3847_264890C.3	<i>G. max</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	308	MRT3847_204627C.1	<i>G. max</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	309	MRT3847_234253C.2	<i>G. max</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	310	MRT3847_289449C.2	<i>G. max</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	311	MRT3847_342062C.1	<i>G. max</i>
miR475	PPR	312	MRT3847_137370C.4	<i>G. max</i>
miR475	PPR	313	MRT3847_196480C.3	<i>G. max</i>
miR475	PPR	314	MRT3847_241148C.2	<i>G. max</i>
miR475	PPR	315	MRT3847_30662C.4	<i>G. max</i>
miR475	PPR	316	MRT3847_44502C.5	<i>G. max</i>
miR475	repetición de PPR	317	MRT3847_235882C.3	<i>G. max</i>
miR477	bHLH	318	MRT3847_117808C.5	<i>G. max</i>
miR477	bHLH	319	MRT3847_330789C.2	<i>G. max</i>
miR477	GRAS	320	MRT3847_161254C.2	<i>G. max</i>
miR477	GRAS	321	MRT3847_250541C.3	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	322	MRT3847_216742C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	323	MRT3847_221164C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	324	MRT3847_28447C.6	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	325	MRT3847_302802C.3	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	326	MRT3847_146432C.5	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	327	MRT3847_184524C.6	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	328	MRT3847_268743C.4	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	329	MRT3847_272693C.2	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	330	MRT3847_297146C.2	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	331	MRT3847_314629C.2	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	332	MRT3847_335514C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	333	MRT3847_335735C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	334	MRT3847_337518C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	335	MRT3847_340947C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	336	MRT3847_352235C.1	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	337	MRT3847_63055C.5	<i>G. max</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	338	MRT3847_66636C.5	<i>G. max</i>
miR482	Proteína supuesta de resistencia a enfermedad	339	MRT3847_184595C.4	<i>G. max</i>
miR824	caja de MADS	340	PHE0001395	<i>G. max</i>
miR824	caja de MADS	341	PHE0003427	<i>G. max</i>
miR824	caja de MADS	342	PHE0013854	<i>G. max</i>
miR824	caja de MADS	343	MRT3847_14550C.4	<i>G. max</i>
miR824	caja de MADS	344	MRT3847_39202C.7	<i>G. max</i>
miR828	MyB	345	PHE0001477	<i>G. max</i>
miR828	MYB	346	MRT3847_346366C.1	<i>G. max</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	347	MRT3847_215219C.3	<i>G. max</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	348	MRT3847_215220C.2	<i>G. max</i>
miR828/858	unión a ADN similar a myb	349	MRT3847_22767C.2	<i>G. max</i>
miR857	LAC	350	MRT3847_13225C.3	<i>G. max</i>
miR858	MyB	351	PHE0000380	<i>G. max</i>
miR858	MYB	352	PHE0001408	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR858	MyB	353	PHE0004448	<i>G. max</i>
miR858	MyB	354	PHE0012029	<i>G. max</i>
miR858	MyB	355	PHE0015929	<i>G. max</i>
miR858	MYB	356	MRT3847_212141C.3	<i>G. max</i>
miR858	MYB	357	MRT3847_347736C.1	<i>G. max</i>
miR858	MYB	358	MRT3847_38379C.5	<i>G. max</i>
miR858	MYB	359	MRT3847_40737C.7	<i>G. max</i>
miR858	MYB	360	MRT3847_41334C.3	<i>G. max</i>
miR858	MYB12	361	MRT3847_51246C.6	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	362	MRT3847_131164C.6	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	363	MRT3847_137726C.5	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	364	MRT3847_228792C.3	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	365	MRT3847_255360C.1	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	366	MRT3847_255362C.6	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	367	MRT3847_260391C.1	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	368	MRT3847_261508C.2	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	369	MRT3847_270136C.3	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	370	MRT3847_290332C.2	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	371	MRT3847_294239C.3	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	372	MRT3847_322770C.2	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	373	MRT3847_32417C.5	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	374	MRT3847_332192C.1	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	375	MRT3847_335664C.1	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	376	MRT3847_34082C.5	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	377	MRT3847_39825C.5	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	378	MRT3847_40203C.4	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	-379	MRT3847_41332C.5	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	380	MRT3847_42168C.6	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	381	MRT3847_51247C.3	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	382	MRT3847_52127C.4	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	383	MRT3847_54395C.5	<i>G. max</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	384	MRT3847_55676C.6	<i>G. max</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR156	dominio SBP	385	MRT3635_30868C.2	<i>Gossypium hirsutum</i>
miR156/157	dominio SBP	386	MRT3635_36657C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	dominio SBP	387	MRT3635_65765C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	388	MRT3635_15791C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	389	MRT3635_48230C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	390	MRT3635_69088C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	391	MRT3635_69159C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	392	MRT3635_30369C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	393	MRT3635_56290C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR156/157	arquitectura de gluma de teosinte	394	MRT3635_15393C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR159	MYB65	395	MRT3635_249C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR159	unión a ADN similar a myb	396	MRT3635_54684C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	397	MRT3635_36222C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR162	CAF	398	MRT3635_16630C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR164	proteína de dominio NAC	399	MRT3635_24172C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR164	Sin meristemo apical	400	MRT3635_48601C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR164	Sin meristemo apical	401	MRT3635_64345C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	402	MRT3635_4809C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	403	MRT3635_50942C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	404	MRT3635_72188C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR166	proteína HD-ZIP de clase III	405	MRT3635_12880C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	406	MRT3635_13510C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	407	MRT3635_14893C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	408	MRT3635_24556C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	409	MRT3635_59443C.1	<i>G. hirsutum</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR168	AGO1	410	MRT3635_43628C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR168	Argonauta	411	MRT3635_68755C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR169	unión a CCAAT	412	MRT3635_18720C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR169	unión a CCAAT	413	MRT3635_60547C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR169	unión a CCAAT	414	MRT3635_63602C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR169	unión a CCAAT	415	MRT3635_751C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	416	MRT3635_57584C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	417	MRT3635_63203C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	418	MRT3635_67492C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR171	GRAS	419	MRT3635_41132C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR172	AP2	420	MRT3635_50596C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR172	dominio AP2	421	MRT3635_21738C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR172	dominio AP2	422	MRT3635_5937C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR172	dominio AP2	423	MRT3635_64989C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR172	dominio AP2	424	MRT3635_8244C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR319	TCP	425	MRT3635_31917C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	426	MRT3635_40862C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	427	MRT3635_55735C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR393	TIR1	428	MRT3635_18850C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR393	TIR1	429	MRT3635_35639C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR393	TIR1	430	MRT3635_68504C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	431	MRT3635_18188C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	432	MRT3635_49076C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR395	AST	433	MRT3635_73824C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	434	MRT3635_15903C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	435	MRT3635_48567C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR395	transportador de sulfato	436	MRT3635_64866C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	437	MRT3635_10089C.2	<i>G. hirsutum</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR396	factor de regulación del crecimiento	438	MRT3635_18322C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	439	MRT3635_43733C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	440	MRT3635_44225C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	441	MRT3635_67643C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	442	MRT3635_71085C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	443	MRT3635_7854C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR397	Laccasa	444	MRT3635_2612C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR397	Laccasa	445	MRT3635_59330C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR397	Laccasa	446	MRT3635_62379C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR400	PPR	447	MRT3635_14024C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR400	PPR	448	MRT3635_24425C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR400	PPR	449	MRT3635_62540C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR400	PPR	450	MRT3635_71976C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR408	proteína de cobre azul	451	MRT3635_25321C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR408	proteína de cobre azul	452	MRT3635_36078C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR408	proteína de cobre azul	453	MRT3635_36080C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR408	proteína de cobre azul	454	MRT3635_54561C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR408	proteína de cobre azul	455	MRT3635_54936C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR444	caja de MADS	456	MRT3635_52393C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR472	unión a ATP	457	MRT3635_16581C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	458	MRT3635_77272C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR475	pentatricopéptido	459	MRT3635_73944C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	460	MRT3635_35992C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	461	MRT3635_51055C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR475	PPR	462	MRT3635_36232C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR475	PPR	463	MRT3635_65837C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR475	PPR	464	MRT3635_6832C.2	<i>G. hirsutum</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR827	SPX	465	MRT3635_71336C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR827	dedo de cinc	466	MRT3635_61225C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR828	MYB	467	MRT3635_63902C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	468	MRT3635_11678C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	469	MRT3635_23974C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	470	MRT3635_37632C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	471	MRT3635_46849C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR828	unión a ADN similar a myb	472	MRT3635_75185C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR828/858	MYB	473	MRT3635_12320C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR828/858	unión a ADN similar a myb	474	MRT3635_25669C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	MYB	475	MRT3635_11888C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	MYB	476	MRT3635_17735C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	MYB	477	MRT3635_3345C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	MYB	478	MRT3635_46789C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	479	MRT3635_48257C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	480	MRT3635_53024C.2	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	481	MRT3635_55977C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	482	MRT3635_57077C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	483	MRT3635_66730C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	484	MRT3635_67640C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	485	MRT3635_69682C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	486	MRT3635_74072C.1	<i>G. hirsutum</i>
miR156	dominio SBP	487	MRT4513_33353C.1	<i>Hordeum vulgare</i>
miR156/157	dominio SBP	488	MRT4513_19757C.1	<i>H. vulgare</i>
miR156/157	dominio SBP, miR157	489	MRT4513_52153C.1	<i>H. vulgare</i>
miR156/157	dominio SBP, miR157	490	MRT4513_41849C.1	<i>H. vulgare</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	491	MRT4513_4449C.1	<i>H. vulgare</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	492	MRT4513_1572C.3	<i>H. vulgare</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	493	MRT4513_55409C.1	<i>H. vulgare</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	494	MRT4513_43004C.1	<i>H. vulgare</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR160	Factor de respuesta a auxina	495	MRT4513_48930C.1	<i>H. vulgare</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	496	MRT4513_51165C.1	<i>H. vulgare</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	497	MRT4513_9322C.2	<i>H. vulgare</i>
miR164	proteína de dominio NAC	498	MRT4513_51143C.2	<i>H. vulgare</i>
miR164	proteína de dominio NAC	499	MRT4513_7890C.1	<i>H. vulgare</i>
miR164	Sin meristemo apical	500	MRT4513_26199C.1	<i>H. vulgare</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	501	MRT4513_29483C.2	<i>H. vulgare</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	502	MRT4513_29827C.2	<i>H. vulgare</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	503	MRT4513_31779C.1	<i>H. vulgare</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	504	MRT4513_47791C.1	<i>H. vulgare</i>
miR168	Argonauta	505	MRT4513_31835C.1	<i>H. vulgare</i>
miR168	Argonauta	506	MRT4513_43289C.1	<i>H. vulgare</i>
miR168	PINHEAD	507	MRT4513_28709C.1	<i>H. vulgare</i>
miR169	unión a CCAAT	508	MRT4513_27452C.1	<i>H. vulgare</i>
miR169	unión a CCAAT	509	MRT4513_38912C.1	<i>H. vulgare</i>
miR169	unión a CCAAT	510	MRT4513_51394C.1	<i>H. vulgare</i>
miR170/171	SCL	511	MRT4513_44124C.1	<i>H. vulgare</i>
miR172	AP2	512	MRT4513_6417C.1	<i>H. vulgare</i>
miR172	dominio AP2	513	MRT4513_42015C.1	<i>H. vulgare</i>
miR319	PCF	514	MRT4513_31590C.1	<i>H. vulgare</i>
miR319	PCF	515	MRT4513_52459C.1	<i>H. vulgare</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	516	MRT4513_12741C.1	<i>H. vulgare</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	517	MRT4513_38675C.1	<i>H. vulgare</i>
miR394	Caja F	518	MRT4513_23211C.1	<i>H. vulgare</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	519	MRT4513_20166C.2	<i>H. vulgare</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	520	MRT4513_26009C.2	<i>H. vulgare</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR396	factor de regulación del crecimiento	521	MRT4513_33203C.1	<i>H. vulgare</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	522	MRT4513_4600C.1	<i>H. vulgare</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	523	MRT4513_50332C.1	<i>H. vulgare</i>
miR397	Laccasa	524	MRT4513_35926C.1	<i>H. vulgare</i>
miR397	Laccasa	525	MRT4513_40609C.1	<i>H. vulgare</i>
miR398	dismutasa de cobre/superóxido de cinc	526	MRT4513_43414C.2	<i>H. vulgare</i>
miR398	dismutasa de cobre/superóxido de cinc	527	MRT4513_8559C.2	<i>H. vulgare</i>
miR408	proteína de cobre azul	528	MRT4513_31098C.2	<i>H. vulgare</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad NBS-LRR	529	MRT4513_5784C.1	<i>H. vulgare</i>
miR475	pentatricopéptido	530	MRT4513_47541C.1	<i>H. vulgare</i>
miR475	PPR	531	MRT4513_7525C.2	<i>H. vulgare</i>
miR482	resistencia a enfermedad	532	MRT4513_11673C.1	<i>H. vulgare</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	533	MRT4513_11055C.1	<i>H. vulgare</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	534	MRT4513_42246C.1	<i>H. vulgare</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	535	MRT4513_4767C.1	<i>H. vulgare</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	536	MRT4513_5642C.1	<i>H. vulgare</i>
miR156/157	dominio SBP	537	MRT3880_19943C.1	<i>Medicago sativa</i>
miR156/157	dominio SBP	538	MRT3880_34839C.1	<i>M. sativa</i>
miR156/157	dominio SBP	539	MRT3880_54023C.1	<i>M. sativa</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	540	MRT3880_59834C.1	<i>M. sativa</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	541	MRT3880_62151C.1	<i>M. sativa</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	542	MRT3880_51095C.1	<i>M. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	543	MRT3880_22965C.1	<i>M. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	544	MRT3880_28718C.1	<i>M. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	545	MRT3880_38543C.1	<i>M. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR160	Factor de respuesta a auxina	546	MRT3880_44036C.1	<i>M. sativa</i>
miR161	PPR	547	MRT3880_11000C.1	<i>M. sativa</i>
miR161/475	Repetición de pentatricopéptido	548	MRT3880_37878C.1	<i>M. sativa</i>
miR162	Dicer	549	MRT3880_26893C.1	<i>M. sativa</i>
miR164	proteína de dominio NAC	550	MRT3880_18003C.2	<i>M. sativa</i>
miR164	Sin meristemo apical	551	MRT3880_44619C.1	<i>M. sativa</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	552	MRT3880_37546C.1	<i>M. sativa</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	553	MRT3880_39764C.1	<i>M. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	554	MRT3880_12926C.1	<i>M. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	555	MRT3880_17672C.1	<i>M. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	556	MRT3880_25270C.1	<i>M. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	557	MRT3880_30476C.1	<i>M. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	558	MRT3880_36150C.1	<i>M. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	559	MRT3880_470C.1	<i>M. sativa</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	560	MRT3880_16272C.2	<i>M. sativa</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	561	MRT3880_21811C.2	<i>M. sativa</i>
miR169	factor Y de transcripción nuclear	562	MRT3880_59679C.1	<i>M. sativa</i>
miR170/171	GRAS	563	MRT3880_12452C.1	<i>M. sativa</i>
miR170/171	GRAS	564	MRT3880_29125C.1	<i>M. sativa</i>
miR170/171	GRAS	565	MRT3880_31130C.1	<i>M. sativa</i>
miR170/171	GRAS	566	MRT3880_40896C.1	<i>M. sativa</i>
miR170/171	GRAS	567	MRT3880_63440C.1	<i>M. sativa</i>
miR172	dominio AP2	568	MRT3880_36568C.1	<i>M. sativa</i>
miR172	dominio AP2	569	MRT3880_39959C.1	<i>M. sativa</i>
miR172	dominio AP2	570	MRT3880_55789C.1	<i>M. sativa</i>
miR319	TCP	571	MRT3880_2628C.1	<i>M. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR319	factor de transcripción de familia TCP	572	MRT3880_44480C.1	<i>M. sativa</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	573	MRT3880_18564C.2	<i>M. sativa</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	574	MRT3880_38847C.1	<i>M. sativa</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	575	MRT3880_67369C.1	<i>M. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	576	MRT3880_18861C.1	<i>M. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	577	MRT3880_22460C.1	<i>M. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	578	MRT3880_41297C.1	<i>M. sativa</i>
miR397	Laccasa	579	MRT3880_43121C.1	<i>M. sativa</i>
miR397	Laccasa	580	MRT3880_56114C.2	<i>M. sativa</i>
miR400	pentatricopéptido	581	MRT3880_53970C.1	<i>M. sativa</i>
miR400	PPR	582	MRT3880_14263C.1	<i>M. sativa</i>
miR400	PPR	583	MRT3880_65540C.1	<i>M. sativa</i>
miR400/475	Repetición de pentatricopéptido	584	MRT3880_27459C.1	<i>M. sativa</i>
miR400/475	Repetición de pentatricopéptido	585	MRT3880_49876C.1	<i>M. sativa</i>
miR400/475	PPR	586	MRT3880_44329C.1	<i>M. sativa</i>
miR408	proteína de cobre azul	587	MRT3880_46744C.2	<i>M. sativa</i>
miR408	proteína de cobre azul	588	MRT3880_53025C.1	<i>M. sativa</i>
miR408	proteína de cobre azul	589	MRT3880_5838C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	unión a ATP	590	MRT3880_29560C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	unión a ATP	591	MRT3880_30961C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	unión a ATP	592	MRT3880_48315C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	unión a ATP	593	MRT3880_53199C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	unión a ATP	594	MRT3880_54030C.2	<i>M. sativa</i>
miR472	unión a ATP	595	MRT3880_57442C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	596	MRT3880_10080C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	597	MRT3880_12559C.2	<i>M. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	598	MRT3880_17698C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	599	MRT3880_21650C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	600	MRT3880_22933C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	601	MRT3880_26007C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	602	MRT3880_28379C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	603	MRT3880_3002C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	604	MRT3880_38354C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	605	MRT3880_41496C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	606	MRT3880_51100C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	607	MRT3880_5498C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad	608	MRT3880_59891C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	609	MRT3880_45204C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	610	MRT3880_52654C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	611	MRT3880_66600C.1	<i>M. sativa</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	612	MRT3880_7642C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	613	MRT3880_19707C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	614	MRT3880_19814C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	615	MRT3880_26877C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	616	MRT3880_2935C.1	<i>M. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	617	MRT3880_36417C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	618	MRT3880_44875C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	619	MRT3880_5004C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	620	MRT3880_52723C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	621	MRT3880_57846C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	622	MRT3880_63259C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	623	MRT3880_6363C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482	proteína de resistencia a enfermedad	624	MRT3880_65083C.1	<i>M. sativa</i>
miR472/482, miR779	proteína de resistencia a enfermedad, repetición rica en leucina	625	MRT3880_55187C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	626	MRT3880_13183C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	627	MRT3880_42014C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	Repetición de pentatricopéptido	628	MRT3880_46171C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	629	MRT3880_12164C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	630	MRT3880_12471C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	631	MRT3880_16503C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	632	MRT3880_22609C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	633	MRT3880_35917C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	634	MRT3880_39210C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	635	MRT3880_55838C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	636	MRT3880_56789C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	637	MRT3880_65802C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	638	MRT3880_870C.1	<i>M. sativa</i>
miR475	PPR	639	MRT3880_9632C.1	<i>M. sativa</i>
miR476	Repetición de pentatricopéptido	640	MRT3880_13782C.1	<i>M. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR477	GRAS	641	MRT3880_1038C.1	<i>M. sativa</i>
miR477	GRAS	642	MRT3880_14765C.1	<i>M. sativa</i>
miR477	GRAS	643	MRT3880_28393C.1	<i>M. sativa</i>
miR477	GRAS	644	MRT3880_31231C.1	<i>M. sativa</i>
miR477	GRAS	645	MRT3880_42028C.1	<i>M. sativa</i>
miR477	GRAS	646	MRT3880_51782C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	647	MRT3880_12508C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	648	MRT3880_16156C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	649	MRT3880_22305C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	650	MRT3880_30579C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	651	MRT3880_38019C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	652	MRT3880_4159C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	653	MRT3880_49695C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	654	MRT3880_54965C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	655	MRT3880_56400C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	656	MRT3880_56673C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	657	MRT3880_58830C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	658	MRT3880_58849C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	659	MRT3880_59857C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	660	MRT3880_60136C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	661	MRT3880_65552C.2	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	662	MRT3880_8722C.1	<i>M. sativa</i>
miR482	proteína de resistencia a enfermedad	663	MRT3880_9618C.1	<i>M. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR828	unión a ADN similar a myb	664	MRT3880_19611C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	665	MRT3880_10365C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	666	MRT3880_12267C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	667	MRT3880_19438C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	668	MRT3880_23642C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	669	MRT3880_33147C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	670	MRT3880_34889C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	671	MRT3880_39946C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	672	MRT3880_55009C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	673	MRT3880_56414C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	674	MRT3880_62538C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	675	MRT3880_801C.1	<i>M. sativa</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	676	MRT3880_8393C.1	<i>M. sativa</i>
miR859	proteína de caja F	677	MRT3880_46176C.1	<i>M. sativa</i>
miR859	proteína de caja F	678	MRT3880_47002C.1	<i>M. sativa</i>
miRMON13	PPR	679	MRT3880_52640C.1	<i>M. sativa</i>
miRMON13	PPR	680	MRT3880_60915C.1	<i>M. sativa</i>
miR156	dominio SBP	681	MRT4530_118092C.3	<i>Oryza sativa</i>
miR156	dominio SBP	682	MRT4530_135991C.4	<i>O. sativa</i>
miR156	dominio SBP	683	MRT4530_257640C.1	<i>O. sativa</i>
miR156	dominio SBP	684	MRT4530_142142C.4	<i>O. sativa</i>
miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	685	MRT4530_195506C.2	<i>O. sativa</i>
miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	686	MRT4530_220364C.2	<i>O. sativa</i>
miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	687	MRT4530_236277C.1	<i>O. sativa</i>
miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	688	MRT4530_53217C.5	<i>O. sativa</i>
miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	689	MRT4530_6964C.4	<i>O. sativa</i>
miR159	MYB	690	MRT4530_103606C.2	<i>O. sativa</i>
miR159	similar a myb	691	MRT4530_82994C.2	<i>O. sativa</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	692	MRT4530_103605C.3	<i>O. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	693	MRT4530_156102C.3	<i>O. sativa</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	694	MRT4530_181046C.3	<i>O. sativa</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	695	MRT4530_42135C.5	<i>O. sativa</i>
miR160	ARF	696	PHE0003527	<i>O. sativa</i>
miR160	ARF	697	PHE0003528	<i>O. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	698	MRT4530_228913C.1	<i>O. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	699	MRT4530_69952C.4	<i>O. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	700	MRT4530_71017C.4	<i>O. sativa</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	701	MRT4530_75962C.5	<i>O. sativa</i>
miR162	CAF	702	MRT4530_212066C.2	<i>O. sativa</i>
miR164	NAC	703	MRT4530_224181C.2	<i>O. sativa</i>
miR164	proteína de dominio NAC	704	MRT4530_178256C.3	<i>O. sativa</i>
miR164	proteína de dominio NAC	705	MRT4530_221769C.1	<i>O. sativa</i>
miR164	NAC1	706	MRT4530_141528C.5	<i>O. sativa</i>
miR164	Sin meristemo apical	707	MRT4530_147737C.4	<i>O. sativa</i>
miR164	Sin meristemo apical	708	MRT4530_157393C.3	<i>O. sativa</i>
miR166	HD-ZIP	709	MRT4530_253068C.2	<i>O. sativa</i>
miR167	ARF	710	PHE0003657	<i>O. sativa</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	711	MRT4530_86291C.3	<i>O. sativa</i>
miR168	Argonauta	712	MRT4530_147864C.3	<i>O. sativa</i>
miR169	unión a CCAAT	713	MRT4530_156068C.3	<i>O. sativa</i>
miR169	unión a CCAAT	714	MRT4530_52650C.3	<i>O. sativa</i>
miR169	unión a CCAAT	715	MRT4530_98042C.6	<i>O. sativa</i>
miR171	GRAS	716	MRT4530_157676C.3	<i>O. sativa</i>
miR171	GRAS	717	MRT4530_159257C.2	<i>O. sativa</i>
miR171	GRAS	718	MRT4530_177712C.1	<i>O. sativa</i>
miR171	GRAS	719	MRT4530_64038C.2	<i>O. sativa</i>
miR171	Similar a Scarecrow	720	MRT4530_146050C.4	<i>O. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR171	SCL	721	MRT4530_111185C.3	<i>O. sativa</i>
miR171	SCL	722	MRT4530_12928C.2	<i>O. sativa</i>
miR171	SCL	723	MRT4530_88963C.6	<i>O. sativa</i>
miR172	AP2	724	PHE0003882	<i>O. sativa</i>
miR172	dominio AP2	725	MRT4530_160275C.3	<i>O. sativa</i>
miR172	dominio AP2	726	MRT4530_56773C.3	<i>O. sativa</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	727	MRT4530_154891C.2	<i>O. sativa</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	728	MRT4530_9431C.5	<i>O. sativa</i>
miR319	TCP3	729	MRT4530_151800C.2	<i>O. sativa</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	730	MRT4530_241313C.2	<i>O. sativa</i>
miR395	ATP sulfúrilasa	731	MRT4530_16384C.4	<i>O. sativa</i>
miR395	transportador de sulfato	732	MRT4530_33633C.6	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	733	PHE0000026	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	734	MRT4530_140789C.3	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	735	MRT4530_145151C.4	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	736	MRT4530_147352C.3	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	737	MRT4530_180707C.1	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	738	MRT4530_221461C.1	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	739	MRT4530_63308C.3	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	740	MRT4530_73195C.3	<i>O. sativa</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	741	MRT4530_83576C.4	<i>O. sativa</i>
miR397	Laccasa	742	MRT4530_148379C.4	<i>O. sativa</i>
miR397	Laccasa	743	MRT4530_181828C.1	<i>O. sativa</i>
miR397	Laccasa	744	MRT4530_237569C.1	<i>O. sativa</i>
miR397	Laccasa	745	MRT4530_60143C.3	<i>O. sativa</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR408	proteína de cobre azul	746	MRT4530_137979C.3	<i>O. sativa</i>
miR408	proteína de cobre azul	747	MRT4530_260849C.1	<i>O. sativa</i>
miR408	proteína de cobre azul	748	MRT4530_40477C.6	<i>O. sativa</i>
miR408	Laccasa	749	MRT4530_160612C.2	<i>O. sativa</i>
miR408	Laccasa	750	MRT4530_169405C.1	<i>O. sativa</i>
miR444	MADS	751	MRT4530_27947C.3	<i>O. sativa</i>
miR444	MADS	752	MRT4530_78475C.3	<i>O. sativa</i>
miR444	caja de MADS	753	PHE0001381	<i>O. sativa</i>
miR444	caja de MADS	754	PHE0015548	<i>O. sativa</i>
3miR444	caja de MADS	755	PHE0015549	<i>O. sativa</i>
miR444	caja de MADS	756	PHE0003829	<i>O. sativa</i>
miR444	caja de MADS	757	MRT4530_196636C.3	<i>O. sativa</i>
miR809	Mlo	758	MRT4530_59197C.5	<i>O. sativa</i>
miR538	caja de MADS	759	PHE0014613	<i>Physcomitrella patens</i>
miR156/157	dominio SBP	760	MRT4558_6587C.1	<i>Sorghum bicolor</i>
miR156/157	dominio SBP	761	MRT4558_12680C.1	<i>S. bicolor</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	762	MRT4558_8644C.2	<i>S. bicolor</i>
miR 159	GAMYB	763	MRT4558_37619C.1	<i>S. bicolor</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	764	MRT4558_27799C.1	<i>S. bicolor</i>
miR164	proteína de dominio NAC	765	MRT4558_43436C.1	<i>S. bicolor</i>
miR164	proteína de dominio NAC	766	MRT4558_4564C.2	<i>S. bicolor</i>
miR164	NAC1	767	MRT4558_43081C.1	<i>S. bicolor</i>
miR164	Sin meristemo apical	768	MRT4558_41467C.1	<i>S. bicolor</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	769	MRT4558_27560C.1	<i>S. bicolor</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	770	MRT4558_10718C.3	<i>S. bicolor</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	771	MRT4558_1659C.2	<i>S. bicolor</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	772	MRT4558_37108C.1	<i>S. bicolor</i>
miR169	unión a CCAAT	773	MRT4558_11671C.2	<i>S. bicolor</i>
miR169	unión a CCAAT	774	MRT4558_13240C.2	<i>S. bicolor</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR169	unión a CCAAT	775	MRT4558_19368C.2	<i>S. bicolor</i>
miR169	unión a CCAAT	776	MRT4558_8287C.2	<i>S. bicolor</i>
miR170/171	SCL	777	MRT4558_7655C.1	<i>S. bicolor</i>
miR172	dominio AP2	778	MRT4558_25704C.2	<i>S. bicolor</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	779	MRT4558_1226C.2	<i>S. bicolor</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	780	MRT4558_20000C.2	<i>S. bicolor</i>
miR394	dominio de caja F	781	MRT4558_11973C.2	<i>S. bicolor</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	782	MRT4558_11861C.1	<i>S. bicolor</i>
miR395	Transportador de sulfato	783	MRT4558_24400C2	<i>S. bicolor</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	784	MRT4558_13321C.2	<i>S. bicolor</i>
miR400	Repetición de pentatricopéptido	785	MRT4558_43831C.1	<i>S. bicolor</i>
miR408	proteína de cobre azul	786	MRT4558_16166C.2	<i>S. bicolor</i>
miR408	proteína de cobre azul	787	MRT4558_8981C.2	<i>S. bicolor</i>
miR408	Laccasa	788	MRT4558_40844C.1	<i>S. bicolor</i>
miR444	caja de MADS	789	MRT4558_11440C.2	<i>S. bicolor</i>
miR472	unión a ATP	790	MRT4558_33723C.1	<i>S. bicolor</i>
miR475	PPR	791	MRT4558_5261C.2	<i>S. bicolor</i>
miR536	proteína de caja F	792	MRT4558_34710C.1	<i>S. bicolor</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	793	MRT4558_5881C.2	<i>S. bicolor</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	794	MRT4558_642C.1	<i>S. bicolor</i>
miR 159	proteína myb	795	MRT4565_281735C.1	<i>Triticum aestivum</i>
miR169	CCAAT	796	MRT4565_240119C.2	<i>T. aestivum</i>
miR169	CCAAT	797	MRT4565_270644C.2	<i>T. aestivum</i>
miR172	AP2	798	MRT4565_247090C.1	<i>T. aestivum</i>
miR394	Caja F	799	MRT4565_259298C.2	<i>T. aestivum</i>
miR444	caja de MADS	800	PHE0002649	<i>T. aestivum</i>
miR444	caja de MADS	801	MRT4565_247066C.1	<i>T. aestivum</i>
miR444	caja de MADS	802	MRT4565_258649C.1	<i>T. aestivum</i>
miR529	AP2	803	MRT4565_278632C.2	<i>T. aestivum</i>
miR858	MYB	804	MRT4565_223049C.1	<i>T. aestivum</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR165/166	REV	805	PHE0012638	<i>No identificada</i>
miR824	caja de MADS	806	PHE0015528	<i>No identificada</i>
miR824	caja de MADS	807	PHE0015545	<i>No identificada</i>
miR1029	erf	808	MRT4577_148956C.8	<i>Zea mays</i>
miR1029	erf	809	MRT4577_267494C.5	<i>Z. mays</i>
miR1029	erf	810	MRT4577_389477C.2	<i>Z. mays</i>
miR1029	erf	811	MRT4577_48700C.7	<i>Z. mays</i>
miR1029	erf	812	MRT4577_565542C.1	<i>Z. mays</i>
miR1029	erf	813	MRT4577_600239C.1	<i>Z. mays</i>
miR156	Unión a promotor de Squamosa	814	MRT4577_396357C.4	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	815	MRT4577_122478C.6	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	816	MRT4577_270892C.4	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	817	MRT4577_334372C.5	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	818	MRT4577_532824C.3	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	819	MRT4577_535297C.2	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	820	MRT4577_537670C.2	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	821	MRT4577_565057C.1	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	822	MRT4577_568647C.1	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	823	MRT4577_571545C.1	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	824	MRT4577_644419C.1	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	825	MRT4577_23629C.7	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	826	MRT4577_295538C.7	<i>Z. mays</i>
miR156/157	dominio SBP	827	MRT4577_31704C.9	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Unión a promotor de Squamosa	828	MRT4577_427964C.4	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Unión a promotor de Squamosa	829	MRT4577_461098C.3	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	830	MRT4577_137984C.6	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	831	MRT4577_188360C.6	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	832	MRT4577_205098C.7	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	833	MRT4577_26483C.7	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	834	MRT4577_341149C.6	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	835	MRT4577_383301C.4	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	836	MRT4577_42534C.9	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	837	MRT4577_564644C.1	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Proteína de unión a promotor de Squamosa	838	MRT4577_619443C.1	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Unión a promotor de Squamosa	839	MRT4577_333683C.4	<i>Z. mays</i>
miR156/157	Unión a promotor de Squamosa	840	MRT4577_38044C.8	<i>Z. mays</i>
miR156/157	arquitectura de gluma de teosinte	841	MRT4577_181019C.5	<i>Z. mays</i>
miR156/157	arquitectura de gluma de teosinte	842	MRT4577_78773C.8	<i>Z. mays</i>
miR159	GAMYB	843	MRT4577_481577C.2	<i>Z. mays</i>
miR159	MYB	844	MRT4577_210747C.5	<i>Z. mays</i>
miR159	MYB	845	MRT4577_542744C.2	<i>Z. mays</i>
miR159	similar a myb	846	MRT4577_298452C.5	<i>Z. mays</i>
miR159	unión a ADN similar a myb	847	MRT4577_565447C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	unión a ADN similar a myb	848	MRT4577_565456C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	849	MRT4577_30813C.8	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	850	MRT4577_390477C.4	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	851	MRT4577_391124C.5	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	852	MRT4577_416957C.3	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	853	MRT4577_545477C.2	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	854	MRT4577_582653C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	855	MRT4577_598088C.1	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	856	MRT4577_605039C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	857	MRT4577_613992C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	858	MRT4577_622542C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	859	MRT4577_709777C.1	<i>Z. mays</i>
miR159	dominio de unión a ADN similar a myb	860	MRT4577_77765C.6	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	861	MRT4577_256734C.4	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	862	MRT4577_258637C.3	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	863	MRT4577_385317C.4	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	864	MRT4577_400043C.5	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	865	MRT4577_41620C.7	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	866	MRT4577_429671C.4	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	867	MRT4577_430512C.4	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	868	MRT4577_448022C.1	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	869	MRT4577_503622C.2	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	870	MRT4577_569655C.1	<i>Z. mays</i>
miR160	Factor de respuesta a auxina	871	MRT4577_605037C.1	<i>Z. mays</i>
miR161	PPR	872	MRT4577_219343C.5	<i>Z. mays</i>
miR161	PPR	873	MRT4577_338127C.1	<i>Z. mays</i>
miR161	PPR	874	MRT4577_381918C.5	<i>Z. mays</i>
miR161	PPR	875	MRT4577_549370C.2	<i>Z. mays</i>
miR161	PPR	876	MRT4577_653452C.1	<i>Z. mays</i>
miR162	Dicer	877	MRT4577_226226C.4	<i>Z. mays</i>
miR 162	Dicer	878	MRT4577_50615C.6	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR162	Dicer	879	MRT4577_592675C.1	<i>Z. mays</i>
miR164	proteína de dominio NAC	880	MRT4577_686098C.1	<i>Z. mays</i>
miR164	proteína de dominio NAC	881	MRT4577_98755C.5	<i>Z. mays</i>
miR164	NAC1	882	PHE0003788	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	883	MRT4577_105083C.9	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	884	MRT4577_16045C.7	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	885	MRT4577_256695C.4	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	886	MRT4577_29326C.8	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	887	MRT4577_317955C.5	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	888	MRT4577_370828C.5	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	889	MRT4577_394716C.4	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	890	MRT4577_586054C.1	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	891	MRT4577_625707C.1	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	892	MRT4577_629408C.1	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	893	MRT4577_705865C.1	<i>Z. mays</i>
miR164	Sin meristemo apical	894	MRT4577_9951C.8	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	895	MRT4577_197925C.4	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	896	MRT4577_200605C.3	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	897	MRT4577_320718C.6	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	898	MRT4577_43102C.9	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	899	MRT4577_535928C.2	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	900	MRT4577_568616C.1	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	901	MRT4577_613062C.1	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	902	MRT4577_659410C.1	<i>Z. mays</i>
miR165/166	proteína HD-ZIP de clase III	903	MRT4577_673351C.1	<i>Z. mays</i>
miR165/166	HD-ZIP	904	PHE0008043	<i>Z. mays</i>
miR165/166	Rev	905	PHE0007773	<i>Z. mays</i>
miR165/166	Rev	906	PHE0012657	<i>Z. mays</i>
miR165/166	hoja enrollada	907	MRT4577_229497C.6	<i>Z. mays</i>
miR165/166	hoja enrollada	908	MRT4577_312384C.3	<i>Z. mays</i>
miR165/166	hoja enrollada	909	MRT4577_342259C.4	<i>Z. mays</i>
miR165/166	hoja enrollada	910	MRT4577_442838C.4	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR165/166	hoja enrollada	911	MRT4577_535676C.2	<i>Z. mays</i>
miR165/166	hoja enrollada	912	MRT4577_566770C.1	<i>Z. mays</i>
miR165/166	hoja enrollada	913	MRT4577_586718C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	ARF	914	PHE0003656	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	915	MRT4577_267543C.4	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	916	MRT4577_267545C.6	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	917	MRT4577_306050C.5	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	918	MRT4577_310720C.4	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	919	MRT4577_339989C.4	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	920	MRT4577_35746C.4	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	921	MRT4577_360403C.2	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	922	MRT4577_377896C.4	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	923	MRT4577_45522C.9	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	924	MRT4577_509023C.3	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	925	MRT4577_521851C.2	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	926	MRT4577_536912C.2	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	927	MRT4577_569979C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	928	MRT4577_650810C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	929	MRT4577_676039C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	930	MRT4577_680014C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	931	MRT4577_681088C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	932	MRT4577_681995C.1	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR167	Factor de respuesta a auxina	933	MRT4577_683953C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	934	MRT4577_684325C.1	<i>Z. mays</i>
miR167	Factor de respuesta a auxina	935	MRT4577_8821C.7	<i>Z. mays</i>
miR168	Argonauta	936	MRT4577_247045C.8	<i>Z. mays</i>
miR168	Argonauta	937	MRT4577_29086C.7	<i>Z. mays</i>
miR168	Argonauta	938	MRT4577_418712C.5	<i>Z. mays</i>
miR168	Argonauta	939	MRT4577_57570C.9	<i>Z. mays</i>
miR168	Argonauta	940	MRT4577_577443C.1	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	941	MRT4577_40749C.8	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	942	MRT4577_428392C.4	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	943	MRT4577_434247C.4	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	944	MRT4577_536961C.2	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	945	MRT4577_536962C.2	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	946	MRT4577_540147C.2	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	947	MRT4577_556372C.2	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	948	MRT4577_570254C.1	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	949	MRT4577_668660C.1	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	950	MRT4577_693949C.1	<i>Z. mays</i>
miR169	unión a CCAAT	951	MRT4577_701125C.1	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	952	PHE0006551	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	953	MRT4577_140896C.6	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	954	MRT4577_234039C.6	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	955	MRT4577_269667C.5	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	956	MRT4577_520619C.2	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	957	MRT4577_617401C.1	<i>Z. mays</i>
miR170/171	SCL	958	MRT4577_75777C.8	<i>Z. mays</i>
miR171	GRAS	959	MRT4577_26778C.8	<i>Z. mays</i>
miR171	GRAS	960	MRT4577_30852C.6.	<i>Z. mays</i>
miR171	GRAS	961	MRT4577_683754C.1	<i>Z. mays</i>
miR171	GRAS	962	MRT4577_687943C.1	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR171	Scarecrow	963	MRT4577_569322C.1	<i>Z. mays</i>
miR172	AP2	964	PHE0006602	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	965	MRT4577_12523C.7	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	966	MRT4577_27478C.9	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	967	MRT4577_304712C.4	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	968	MRT4577_307553C.7	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	969	MRT4577_431122C.3	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	970	MRT4577_455774C.3	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	971	MRT4577_468762C.3	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	972	MRT4577_548310C.2	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	973	MRT4577_556612C.2	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	974	MRT4577_597136C.1	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	975	MRT4577_669210C.1	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	976	MRT4577_676464C.1	<i>Z. mays</i>
miR172	dominio AP2	977	MRT4577_708079C.1	<i>Z. mays</i>
miR172	APETALA2	978	MRT4577_49517C.8	<i>Z. mays</i>
miR172	APETALA2	979	MRT4577_700043C.1	<i>Z. mays</i>
miR172	Glossy15	980	PHE0000011	<i>Z. mays</i>
miR319	Ciclina	981	PHE0001434	<i>Z. mays</i>
miR319	PCF	982	MRT4577_427906C.4	<i>Z. mays</i>
miR319	PCF	983	MRT4577_480991C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	PCF	984	MRT4577_568064C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	PCF	985	MRT4577_590917C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	PCF	986	MRT4577_679533C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	PCF	987	MRT4577_680167C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	988	MRT4577_147719C.7	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	989	MRT4577_221733C.7	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	990	MRT4577_275063C.6	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	991	MRT4577_30525C.6	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR319	factor de transcripción de familia TCP	992	MRT4577_340633C.4	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	993	MRT4577_557860C.2	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	994	MRT4577_558102C.2	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	995	MRT4577_568063C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	996	MRT4577_571095C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	997	MRT4577_590269C.1	<i>Z. mays</i>
miR319	factor de transcripción de familia TCP	998	MRT4577_686625C.1	<i>Z. mays</i>
miR390	TAS	999	MRT4577_306288C.5	<i>Z. mays</i>
miR390	TAS	1000	MRT4577_325578C.3	<i>Z. mays</i>
miR390	TAS	1001	MRT4577_687438C.1	<i>Z. mays</i>
miR390	TAS	1002	MRT4577_72903C.4	<i>Z. mays</i>
miR393	Caja F	1003	PHE0000546	<i>Z. mays</i>
miR393	Caja F	1004	PHE0000912	<i>Z. mays</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	1005	MRT4577_39097C.9	<i>Z. mays</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	1006	MRT4577_546333C.2	<i>Z. mays</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	1007	MRT4577_560980C.2	<i>Z. mays</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	1008	MRT4577_656737C.1	<i>Z. mays</i>
miR393	Respuesta de inhibidor de transporte	1009	MRT4577_688815C.1	<i>Z. mays</i>
miR394	dominio de caja F	1010	MRT4577_56429C.8	<i>Z. mays</i>
miR394	dominio de caja F	1011	MRT4577_613832C.1	<i>Z. mays</i>
miR395	AST	1012	MRT4577_293072C.7	<i>Z. mays</i>
miR395	AST	1013	MRT4577_57393C.8	<i>Z. mays</i>
miR395	AST	1014	MRT4577_594643C.1	<i>Z. mays</i>
miR395	AST	1015	MRT4577_655078C.1	<i>Z. mays</i>
miR395	AST	1016	MRT4577_681126C.1	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR395	ATP sulfurilasa	1017	MRT4577_118322C.5	<i>Z. mays</i>
miR395	ATP sulfurilasa	1018	MRT4577_453989C.4	<i>Z. mays</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	1019	MRT4577_386324C.4	<i>Z. mays</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	1020	MRT4577_57434C.9	<i>Z. mays</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	1021	MRT4577_694623C.1	<i>Z. mays</i>
miR395	sulfato adenililtransferasa	1022	MRT4577_709359C.1	<i>Z. mays</i>
miR395	transportador de sulfato	1023	MRT4577_644561C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1024	PHE0000025	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1025	PHE0000289	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1026	PHE0001216	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1027	MRT4577_215581C.4	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1028	MRT4577_215583C.5	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1029	MRT4577_232004C.7	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1030	MRT4577_24924C.7	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1031	MRT4577_266456C.6	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1032	MRT4577_278593C.3	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1033	MRT4577_29961C.8	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1034	MRT4577_356670C.6	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1035	MRT4577_359461C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1036	MRT4577_372672C.5	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1037	MRT4577_410501C.4	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1038	MRT4577_432229C.3	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1039	MRT4577_534804C.2	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR396	factor de regulación del crecimiento	1040	MRT4577_551090C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1041	MRT4577_563407C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1042	MRT4577_569284C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1043	MRT4577_597418C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1044	MRT4577_618948C.1	<i>Z. mays</i>
miR396	factor de regulación del crecimiento	1045	MRT4577_635741C.1	<i>Z. mays</i>
miR397	Laccasa	1046	MRT4577_233334C.7	<i>Z. mays</i>
miR397	Laccasa	1047	MRT4577_26704C.2	<i>Z. mays</i>
miR397	Laccasa	1048	MRT4577_293572C.3	<i>Z. mays</i>
miR397	Laccasa	1049	MRT4577_602028C.1	<i>Z. mays</i>
miR398	citocromo c oxidasa	1050	MRT4577_434356C.4	<i>Z. mays</i>
miR398	citocromo c oxidasa	1051	MRT4577_547404C.2	<i>Z. mays</i>
miR399	Ciclina	1052	PHE0002694	<i>Z. mays</i>
miR400	PPR	1053	MRT4577_480700C.2	<i>Z. mays</i>
miR400	PPR	1054	MRT4577_593504C.1	<i>Z. mays</i>
miR408	proteína de cobre azul	1055	MRT4577_325458C.1	<i>Z. mays</i>
miR408	proteína de cobre azul	1056	MRT4577_37590C.9	<i>Z. mays</i>
miR408	proteína de cobre azul	1057	MRT4577_47069C.8	<i>Z. mays</i>
miR408	proteína de cobre azul	1058	MRT4577_528699C.2	<i>Z. mays</i>
miR408	proteína de cobre azul	1059	MRT4577_550892C.1	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1060	PHE0003380	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1061	MRT4577_245033C.8	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1062	MRT4577_380413C.6	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1063	MRT4577_388860C.4	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1064	MRT4577_461451C.3	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1065	MRT4577_625157C.1	<i>Z. mays</i>
miR408	Laccasa	1066	MRT4577_629379C.1	<i>Z. mays</i>
miR408	plantacianina	1067	PHE0000329	<i>Z. mays</i>
miR444	MADS	1068	PHE0013719	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR444	caja de MADS	1069	PHE0002650	<i>Z. mays</i>
miR444	caja de MADS	1070	MRT4577_321664C.4	<i>Z. mays</i>
miR444	caja de MADS	1071	MRT4577_204116C.4	<i>Z. mays</i>
miR444	caja de MADS	1072	MRT4577_537511C.2	<i>Z. mays</i>
miR444	caja de MADS	1073	MRT4577_553467C.1	<i>Z. mays</i>
miR444	caja de MADS	1074	MRT4577_613242C.1	<i>Z. mays</i>
miR444	caja de MADS	1075	MRT4577_695496C.1	<i>Z. mays</i>
miR472	unión a ATP	1076	MRT4577_110498C.5	<i>Z. mays</i>
miR472	unión a ATP	1077	MRT4577_251486C.3	<i>Z. mays</i>
miR472	proteína de resistencia a enfermedad de tipo NBS-LRR,	1078	MRT4577_320221C.4	<i>Z. mays</i>
miR475	PPR	1079	MRT4577_110120C.3	<i>Z. mays</i>
miR475	PPR	1080	MRT4577_205728C.3	<i>Z. mays</i>
miR475	PPR	1081	MRT4577_664698C.1	<i>Z. mays</i>
miR477	GRAS	1082	MRT4577_278714C.7	<i>Z. mays</i>
miR477	GRAS	1083	MRT4577_401721C.2	<i>Z. mays</i>
miR477	GRAS	1084	MRT4577_463199C.2	<i>Z. mays</i>
miR477	GRAS	1085	MRT4577_526548C.1	<i>Z. mays</i>
miR477	GRAS	1086	MRT4577_569010C.1	<i>Z. mays</i>
miR482	resistencia a enfermedad	1087	MRT4577_204880C.4	<i>Z. mays</i>
miR482	resistencia a enfermedad	1088	MRT4577_285745C.3	<i>Z. mays</i>
miR482	resistencia a enfermedad	1089	MRT4577_537326C.2	<i>Z. mays</i>
miR482	resistencia a enfermedad	1090	MRT4577_642390C.1	<i>Z. mays</i>
miR482	resistencia a enfermedad	1091	MRT4577_647253C.1	<i>Z. mays</i>
miR482	resistencia a enfermedad	1092	MRT4577_700169C.1	<i>Z. mays</i>
miR776	IRE	1093	MRT4577_475418C.2	<i>Z. mays</i>
miR776	IRE	1094	MRT4577_569446C.1	<i>Z. mays</i>
miR776	IRE	1095	MRT4577_668929C.1	<i>Z. mays</i>
miR827	SYG1/Pho81/XPR1	1096	MRT4577_565044C.1	<i>Z. mays</i>
miR844	proteína cinasa	1097	MRT4577_34878C.9	<i>Z. mays</i>
miR844	proteína cinasa	1098	MRT4577_469768C.2	<i>Z. mays</i>
miR857	LAC	1099	MRT4577_447458C.4	<i>Z. mays</i>

(continuación)

miARN	Función génica	SEC ID N°:	ID del gen	Especie de origen*
miR858	MYB	1100	MRT4577_230084C.4	<i>Z. mays</i>
miR858	MYB	1101	MRT4577_28298C.7	<i>Z. mays</i>
miR858	MYB	1102	MRT4577_365133C.3	<i>Z. mays</i>
miR858	MYB	1103	MRT4577_691552C.1	<i>Z. mays</i>
miR858	similar a myb	1104	MRT4577_237723C.3	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1105	MRT4577_204899C.4	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1106	MRT4577_229676C.2	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1107	MRT4577_303539C.6	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1108	MRT4577_330816C.1	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1109	MRT4577_340919C.6	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1110	MRT4577_549954C.1	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1111	MRT4577_585620C.1	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1112	MRT4577_665482C.1	<i>Z. mays</i>
miR858	unión a ADN similar a myb	1113	MRT4577_704749C.1	<i>Z. mays</i>
miR904	AGO	1114	MRT4577_374929C.6	<i>Z. mays</i>

Ejemplo 4

Este ejemplo proporciona realizaciones adicionales de genes diana identificados como "dianas de miARN validadas" (es decir, que contienen un sitio de reconocimiento de miARN validado) y usos representativos de sitios de reconocimiento de miARN validados, por ejemplo, para el diseño de secuencias artificiales útiles en la producción de construcciones de ADN recombinante, incluyendo, pero sin limitación, transgenes con un sitio de reconocimiento de miARN exógeno añadido, transgenes con un sitio de reconocimiento de miARN nativo modificado o eliminado, señuelos, bloqueadores de la escisión, o inhibidores traduccionales tal como se enseñan y reivindican por los presentes solicitantes. Las construcciones de ADN recombinantes de la presente invención son útiles para modular la expresión de dichos genes diana y para producir células vegetales, tejidos vegetales y plantas transgénicas no naturales (especialmente plantas de cultivo transgénicas no naturales) que tienen rendimiento mejorado u otros rasgos deseables.

La tabla 3 proporciona una lista de miARN y dianas de miARN que contienen sitios de reconocimiento de miARN que se identificaron en diversas plantas usando técnicas similares a aquellas descritas en el ejemplo 2. Las dianas de miARN se identificaron por el nombre del gen, dominio de proteína, función, localización, o simplemente como un gen que tiene un sitio de reconocimiento de miARN; esta información es suficiente para diseñar secuencias artificiales, incluyendo transgenes que no responden a miARN, bloqueadores de la escisión, bloqueadores de la escisión modificados en 5', inhibidores traduccionales, y señuelos de miARN. **La tabla 3** proporciona además una lista de precursores de miARN (diseñados para procesarse en un miARN maduro nativo), así como secuencias artificiales que incluyen precursores de miARN diseñados para procesarse en un miARN maduro sintético, señuelos de miARN, transgenes que no responden a miARN, y bloqueadores de la escisión de miARN, todos los cuales son especialmente útiles para producir construcciones de ADN recombinante de la presente invención. Un experto habitual en la materia, informado por las enseñanzas de la presente solicitud y provisto de la secuencia de nucleótidos de un miARN o un sitio de reconocimiento de miARN en un gen diana, será fácilmente capaz de idear dichas secuencias artificiales. Dicho experto habitual en la materia reconocería además que el conocimiento del gen diana no es en sí necesario, solo la secuencia de la secuencia de miARN maduro o de un precursor de miARN que se procese en el miARN maduro (o, como alternativa, el conocimiento de la secuencia del sitio de reconocimiento de miARN) en combinación con las enseñanzas de la presente solicitud, para idear un bloqueador de la escisión (o de un bloqueador de la escisión modificado en 5') para inhibir los efectos de silenciamiento génico de un miARN dado. **La tabla 3** también proporciona ejemplos de construcciones de ADN recombinantes que, cuando se expresan de manera transgénica en una planta de cultivo (preferentemente, pero sin limitación, maíz, soja, canola, algodón,

alfalfa, caña de azúcar, remolacha azucarera, sorgo, y arroz), da como resultado un rendimiento aumentado en dicha planta de cultivo, cuando se compara con la planta de cultivo en la que la construcción no se expresa. Las técnicas para producir plantas transgénicas se describen en el encabezado "Producción y uso de células vegetales transgénicas y plantas transgénicas". El "rendimiento aumentado" puede ser rendimiento intrínseco aumentado; en otras realizaciones, el rendimiento aumentado es rendimiento aumentado en unas condiciones de cultivo concretas, tales como condiciones de estrés abiótico o biótico (por ejemplo, estrés por calor o frío, estrés de sequía, o estrés de nutrientes), cuando se compara con un cultivo que carece de la expresión de la construcción de ADN recombinante de la presente invención.

Con la información anterior acerca de dianas de miARN, un experto habitual en la materia es capaz de producir y usar diversas realizaciones adicionales de aspectos de la presente invención, incluyendo una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (g) ADN que codifica un bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**. Se reivindican específicamente realizaciones en las que la construcción de ADN recombinante se integra de manera estable en un plástido o un cromosoma de la célula vegetal. También se reivindican específicamente procedimientos para mejorar el rendimiento en una planta, en los que la construcción de ADN recombinante se expresa de manera transgénica en una planta de cultivo (preferentemente, pero sin limitación, maíz, soja, canola, algodón, alfalfa, caña de azúcar, remolacha azucarera, sorgo, y arroz), dando como resultado un rendimiento aumentado en dicha planta de cultivo, cuando se compara con la planta de cultivo en la que la construcción no se expresa.

Las realizaciones dentro del ámbito de la presente invención incluyen una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; (g) ADN que codifica un bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN, en el que al menos una diana de miARN es al menos una seleccionada entre el grupo que consiste en una diana de miR156, una diana de miR160, una diana de miR164, una diana de miR166, una diana de miR167, una diana de miR169, una diana de miR171, una diana de miR172, una diana de miR319, una diana de miR395, una diana de miR396, una diana de miR398, una diana de miR399, una diana de miR408, una diana de miR444, una diana de miR528, una diana de miR167g, una diana de miR169g, COP1 (fotomorofogénesis I constitutivo), GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico), GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico), HB2 (caja homeostática 2), HB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4), HB4 (caja homeostática 4), LG1 (liguleless I), SPX (SYG1, dominio PHO81 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk), VIM1a (variante en metilación 1a), DHS1 (desoxihipusina sintasa), DHS2 (desoxihipusina sintasa), DHS3 (desoxihipusina sintasa), DHS4 (desoxihipusina sintasa), DHS5 (desoxihipusina sintasa), DHS6 (desoxihipusina sintasa), DHS7 (desoxihipusina sintasa), DHS8 (desoxihipusina sintasa), CRF (dedo ANULAR de maíz; RNF169), G1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), G1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), GS3 (tamaño del grano 3), y GW2 (peso del grano 2). Las realizaciones particulares que se reivindican específicamente por la presente invención incluyen una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste en ADN que codifica una secuencia de nucleótido seleccionada entre las

SEC ID N°: 1120, 1121, 1122, 1248, 1257, 1313, 1314, 1364, 1387, 1478, 1489, 1490, 1491, 1492, 1493, 1585, 1597, 1598, 1599, 1713, 1752, 1753, 1801, 1802, 1820, 1927, 1929, 1931, 1971, 2006, 2007, 2008, 2010, 2012, 2014, 2016, 2018, 2022, 2023, 2025, 2027, 2029, 2031, 2033, 2035, 2037, 2039, 2041, 2043, 2045, 2047, 2049, 2051, 2053, 2055, 2056, 2057, 2059, 2060, 2061, y 2063; también se reivindican específicamente realizaciones en las que la construcción de ADN recombinante se integra de manera estable en un plástido o un cromosoma de la célula vegetal.

Las realizaciones adicionales son procedimientos para mejorar el rendimiento en una planta, en las que una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; (g) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN, en el que al menos una diana de miARN es al menos una seleccionada entre el grupo que consiste en una diana de miR156, una diana de miR160, una diana de miR164, una diana de miR166, una diana de miR167, una diana de miR169, una diana de miR171, una diana de miR172, una diana de miR319, una diana de miR395, una diana de miR396, una diana de miR398, una diana de miR399, una diana de miR408, una diana de miR444, una diana de miR528, una diana de miR167g, una diana de miR169g, COP1 (fotomorfogénesis I constitutivo), GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico), GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico), HB2 (caja homeostática 2), HB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4), HB4 (caja homeostática 4), LG1 (liguleless I), SPX (SYG1, dominio PHO81 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk), VIM1a (variante en metilación 1a), DHS1 (desoxihipusina sintasa), DHS2 (desoxihipusina sintasa), DHS3 (desoxihipusina sintasa), DHS4 (desoxihipusina sintasa), DHS5 (desoxihipusina sintasa), DHS6 (desoxihipusina sintasa), DHS7 (desoxihipusina sintasa), DHS8 (desoxihipusina sintasa), CRF (dedo ANULAR de maíz; RNF169), G1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), G1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), GS3 (tamaño del grano 3), y GW2 (peso del grano 2), se expresa de manera transgénica en una planta de cultivo (preferentemente, pero sin limitación, maíz, soja, canola, algodón, alfalfa, caña de azúcar, remolacha azucarera, sorgo, y arroz), dando como resultado un rendimiento aumentado en dicha planta de cultivo, cuando se compara con la planta de cultivo en la que la construcción no se expresa. Se reivindican específicamente procedimientos para mejorar el rendimiento en una planta, en los que una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste en ADN que codifica una secuencia de nucleótido seleccionada entre las **SEC ID N°: 1120, 1121, 1122, 1248, 1257, 1313, 1314, 1364, 1387, 1478, 1489, 1490, 1491, 1492, 1493, 1585, 1597, 1598, 1599, 1713, 1752, 1753, 1801, 1802, 1820, 1927, 1929, 1931, 1971, 2006, 2007, 2008, 2010, 2012, 2014, 2016, 2018, 2022, 2023, 2025, 2027, 2029, 2031, 2033, 2035, 2037, 2039, 2041, 2043, 2045, 2047, 2049, 2051, 2053, 2055, 2056, 2057, 2059, 2060, 2061, y 2063** se expresa de manera transgénica en una planta de cultivo (preferentemente, pero sin limitación, maíz, soja, canola, algodón, alfalfa, caña de azúcar, remolacha azucarera, sorgo, y arroz), dando como resultado un rendimiento aumentado en dicha planta de cultivo, cuando se compara con la planta de cultivo en la que la construcción no se expresa.

Los aspectos adicionales de la presente invención incluyen una célula vegetal transgénica no natural que incluye una construcción de ADN recombinante integrada de manera estable que puede transcribirse en la célula vegetal transgénica no natural, en la que la construcción de ADN recombinante incluye un promotor funcional en la célula vegetal transgénica no natural y unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; la construcción de ADN recombinante puede integrarse de manera estable en un plástido, un cromosoma, o el genoma de la célula vegetal. Las realizaciones incluyen una célula vegetal transgénica no natural que incluye una construcción de ADN recombinante integrada de manera estable que puede transcribirse en la célula vegetal transgénica no natural, en la que la construcción de ADN recombinante incluye un promotor funcional en la célula vegetal transgénica no natural y unido operativamente a al menos un polinucleótido que incluye una secuencia de ADN seleccionada entre las **SEC ID N°: 15 - 2064**.

Tabla 3

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
miARN	miR156	1115			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR156	1116			<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	1117			<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	1118			<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de unión a promotor de Squamosa	1119			<i>Zea mays</i>	
Señuelo (secuencia artificial)	señuelo de miR156	1120			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
Señuelo (secuencia artificial)	señuelo de miR156	1121			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
no responde a miARN	Proteína de unión a promotor de Squamosa (no responde a miR156)	1122			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1123	MRT4577_564644C.1	478 - 497	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1124	MRT4577_23629C.7	1001 - 1020	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1125	MRT4577_188360C.6	1571 - 1590	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1126	MRT4577_205098C.7	1658 - 1677	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1127	MRT4577_565057C.1	980 - 999	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1128	MRT4577_137984C.6	2097-2116	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1129	MRT4577_532824C.3	1136 - 1155	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1130	MRT4577_122478C.6	767 - 786	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1131	MRT4577_31704C.9	1125 - 1144	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1132	MRT4577_26483C.7	1503-1522	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1133	MRT4577_295538C.7	1433 - 1452	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1134	MRT4577_644419C.1	962 - 981	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1135	MRT4577_619443C.1	914-933	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1136	MRT4577_341149C.6	1807 - 1826	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1137	MRT4577_78773C.8	1202 - 1221	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1138	MRT4577_42534C.9	1935 - 1954	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1139	MRT4577_270892C.4	978 - 997	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1140	MRT4577_571545C.1	623 - 642	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1141	MRT4577_181019C.5	788 - 807	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1142	MRT4577_537670C.2	575 - 594	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1143	MRT4577_535297C.2	1840 - 1859	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1144	MRT4577_334372C.5	477 - 496	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1145	MRT4577_568647C.1	1004 - 1023	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1146	MRT4577_383301C.4	896 - 915	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1147	MRT4577_427964C.4	991 - 1010	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1148	MRT4577_240798C.6	769 - 788	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1149	MRT4577_38044C.8	951 - 970	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1150	MRT4577_461098C.3	469 - 488	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1151	MRT4577_333683C.4	643 - 662	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1152	MRT4577_396357C.4	647 - 666	<i>Zea mays</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1153	MRT3635_15393C.1	98-117	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1154	MRT3635_15791C.2	990 - 1009	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1155	MRT3635_23851C.2	233 - 252	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1156	MRT3635_28051C.1	213-232	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1157	MRT3635_30369C.2	1511 - 1530	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1158	MRT3635_30868C.2	652 - 671	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1159	MRT3635_36657C.2	555 - 574	<i>Gossypium hirsutum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1160	MRT3635_48230C.2	857-876	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1161	MRT3635_54380C.2	21 -40	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1162	MRT3635_59825C.1	50 - 69	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1163	MRT3635_65765C.1	709 - 728	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1164	MRT3635_69088C.1	1238 - 1257	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1165	MRT3635_69159C.1	892 - 911	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1166	MRT3635_71102C.1	294 - 313	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1167	MRT3635_72531C.1	612 - 631	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1168	MRT3702_110108C.4	1253 - 1272	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1169	MRT3702_113039C.2	757 - 776	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1170	MRT3702_115945C.3	2609 - 2628	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1171	MRT3702_11947C.6	680 - 699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1172	MRT3702_120785C.3	1157 - 1176	<i>Arabidopsis thaliana</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1173	MRT3702_141151C.3	1073 - 1092	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1174	MRT3702_141152C.2	1172 - 1191	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1175	MRT3702_147696C.3	1186 - 1205	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1176	MRT3702_147811C.3	1446-1465	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1177	MRT3702_148347C.1	1118 - 1137	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1178	MRT3702_148348C.3	1121 - 1140	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1179	MRT3702_15197C.5	785 - 804	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1180	MRT3702_177137C.1	2477 - 2496	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1181	MRT3702_179579C.1	1149 - 1168	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1182	MRT3702_23035C.6	1358-1377	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1183	MRT3702_23765C.7	1036-1055	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1184	MRT3702_4036C.6	804 - 823	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1185	MRT3702_5396C.6	1297 - 1316	<i>Arabidopsis thaliana</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1186	MRT3702_9141C.7	829 - 848	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1187	MRT3702_94277C.3	781 - 800	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1188	MRT3702_9951 C.4	781 - 800	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1189	MRT3708_10628C.4	459 - 478	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1190	MRT3708_22559C.1	330 - 349	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1191	MRT3708_53675C.1	290 - 309	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1192	MRT3708_58630C.1	407 - 426	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1193	MRT3847_14683C.5	1677 - 1696	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1194	MRT3847_167543C.1	486 - 505	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1195	MRT3847_197471 C.3	295 - 314	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1196	MRT3847_206274C.4	117 - 136	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1197	MRT3847_207934C.2	547 - 566	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1198	MRT3847_213855C.7	701 - 720	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1199	MRT3847_217782C.3	851 - 870	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1200	MRT3847_218322C.4	109 - 128	<i>Glycine max</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1201	MRT3847_235081C.4	1980 - 1999	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1202	MRT3847_235082C.6	915-934	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1203	MRT3847_237444C.4	582 - 601	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1204	MRT3847_252038C.4	515-534	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1205	MRT3847_268305C.4	396-415	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1206	MRT3847_289291C.3	961 - 980	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1207	MRT3847_329752C.1	933 - 952	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1208	MRT3847_334134C.1	1239 - 1258	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1209	MRT3847_335568C.1	1747-1766	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1210	MRT3847_338602C.1	1070 - 1089	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1211	MRT3847_341315C.1	47 - 66	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1212	MRT3847_341402C.1	978 - 997	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1213	MRT3847_350831C.1	1280 - 1299	<i>Glycine max</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1214	MRT3880_19943C.1	633 - 652	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1215	MRT3880_49046C.1	98-117	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1216	MRT3880_54023C.1	527 - 546	<i>Medicago truncatula</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1217	MRT3880_59834C.1	726 - 745	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1218	MRT3880_62151C.1	1070 - 1089	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1219	MRT4513_19757C.1	529 - 548	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1220	MRT4513_41849C.1	439 - 458	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1221	MRT4513_4449C.1	221-240	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1222	MRT4513_52153C.1	523 - 542	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1223	MRT4530_11398C.3	696 - 715	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1224	MRT4530_118092C.3	821 - 840	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1225	MRT4530_135991 C.4	710-729	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1226	MRT4530_142142C.4	1074 - 1093	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1227	MRT4530_195506C.2	981 - 1000	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1228	MRT4530_199837C.4	2401 -2420	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1229	MRT4530_219862C.2	146-165	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1230	MRT4530_220364C.2	1764 - 1783	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1231	MRT4530_230201C.3	265 - 284	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	diana de miR156	1232	MRT4530_230404C.3	2222 - 2241	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1233	MRT4530_236277C.1	728 - 747	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1234	MRT4530_257640C.1	956 - 975	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1235	MRT4530_44605C.5	1148 - 1167	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1236	MRT4530_53217C.5	858 - 877	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1237	MRT4530_6964C.4	2113-2132	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1238	MRT4530_95203C.4	994 - 1013	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1239	MRT4558_12680C.1	78 - 97	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1240	MRT4558_27285C.1	130-149	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1241	MRT4558_6587C.1	516-535	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1242	MRT4558_8644C.2	866 - 885	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR156	diana de miR156	1243	MRT4565_169464C.2	296 - 315	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1244	MRT4565_212647C.1	523 - 542	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1245	MRT4565_239085C.1	1565 - 1584	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1246	MRT4565_259386C.1	339 - 358	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR156	Proteína de dominio de unión a promotor de Squamosa	1247	MRT4565_272025C.1	954 - 973	<i>Triticum aestivum</i>	
Señuelo (secuencia artificial)	señuelo de miR160	1248			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR160	Proteína similar a factor de respuesta a auxina 10	1249	MRT4577_429671 C.3	1429 - 1449	<i>Zea mays</i>	
diana de miR160	Proteína similar a factor de respuesta a auxina 10	1250	MRT4577_400043C.4	1894 - 1914	<i>Zea mays</i>	
diana de miR160	Proteína similar a factor de respuesta a auxina 10	1251	MRT4577_385317C.3	863 - 883	<i>Zea mays</i>	
diana de miR160	Proteína similar a factor de respuesta a auxina 10	1252	MRT4577_41620C.6	756 - 776	<i>Zea mays</i>	
diana de miR160	Proteína similar a factor de respuesta a auxina 10	1253	MRT4577_258637C.2	1353 - 1373	<i>Zea mays</i>	
diana de miR160	Proteína similar a factor de respuesta a auxina 10	1254	MRT4577_448022C.1	421 - 442	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR164	1255			<i>Zea mays</i>	
diana de miR164	NAC1; Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1256			<i>Zea mays</i>	
no responde a miARN	NAC1 (sin respuesta a miR164)	1257			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR164	diana de miR164	1258	MRT3635_6393C.2	135 - 155	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR164	diana de miR164	1259	MRT3635_64345C.1	925 - 945	<i>Gossypium hirsutum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1260	MRT3702_105151C.5	843 - 863	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	CUC1; Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1261	MRT3702_11937C.6	651 - 671	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	NAC1; Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1262	MRT3702_180541C.1	762 - 782	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	NAC1; Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1263	MRT3702_180670C.1	785 - 805	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1264	MRT3702_20256C.5	651 - 671	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1265	MRT3702_22669C.4	765 - 785	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	CUC2; Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1266	MRT3702_24103C.6	856 - 876	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1267	MRT3702_24851C.6	809 - 829	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1268	MRT3708_39966C.1	192-212	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1269	MRT3708_51022C.1	803 - 823	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1270	MRT3712_8777C.1	316-336	<i>Brassica oleracea</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1271	MRT3847_244824C.2	290 - 310	<i>Glycine max</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1272	MRT3847_259513C.2	719-739	<i>Glycine max</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1273	MRT3847_270117C.3	784 - 804	<i>Glycine max</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1274	MRT3847_46332C.2	714-734	<i>Glycine max</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1275	MRT3847_46333C.6	731 - 751	<i>Glycine max</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1276	MRT3847_48464C.4	1140 - 1160	<i>Glycine max</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1277	MRT3847_48465C.6	777 - 797	<i>Glycine max</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1278	MRT3880_18003C.2	705 - 725	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR164	diana de miR164	1279	MRT3880_33685C.1	278 - 298	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1280	MRT3880_44619C.1	781 - 801	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1281	MRT4513_26199C.1	809 - 829	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1282	MRT4513_37185C.1	17 - 37	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR164	proteína 19 inducida por ácido salicílico	1283	MRT4513_4722C.1	251-271	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1284	MRT4513_7890C.1	687 - 707	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1285	MRT4530_141528C.5	890 - 910	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1286	MRT4530_147737C.4	912 - 932	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1287	MRT4530_157393C.3	923 - 943	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1288	MRT4530_178256C.3	954 - 974	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1289	MRT4530_211705C.4	1929-1949	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1290	MRT4530_221769C.1	159-179	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1291	MRT4530_224181C.2	790 - 810	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1292	MRT4558_11465C.1	13 - 33	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR164	proteína 19 inducida por ácido salicílico, regulación de la transcripción, unión a ADN	1293	MRT4558_31046C.1	256 - 276	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1294	MRT4558_41467C.1	1230 - 1250	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1295	MRT4558_43081C.1	344 - 364	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1296	MRT4558_43436C.1	853 - 873	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1297	MRT4558_4564C.2	691 - 711	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1298	MRT4565_235741C.1	849 - 869	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1299	MRT4565_241295C.1	1062 - 1082	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR164	Similar a proteína SIAH1, catabolismo de proteína dependiente de ubiquitina, núcleo, unión a ion de zinc	1300	MRT4565_246008C.1	696 - 716	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1301	MRT4565_250946C.1	675 - 695	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1302	MRT4565_269060C.1	730 - 750	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR164	proteína 19 inducida por ácido salicílico, regulación de la transcripción, unión a ADN	1303	MRT4565_272391C.1	765 - 785	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1304	MRT4565_279043C.1	945 - 965	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR164	Sin meristemo apical, ATAF, Proteína de dominio de cotiledón en forma de taza (NAC)	1305	MRT4577_16045C.7	927 - 947	<i>Zea mays</i>	
diana de miR164	diana de miR164	1306	MRT4577_205444C.5	524 - 544	<i>Zea mays</i>	
diana de miR164	proteína hipotética; papel putativo en la especificación de límite; nam2	1307	MRT4577_325166C.3	868 - 888	<i>Zea mays</i>	
diana de miR164	proteína hipotética; papel putativo en la iniciación de SAM y especificación del límite; nam1	1308	MRT4577_78918C.6	893 - 913	<i>Zea mays</i>	
diana de miR164	diana de miR164	1309	MRT4577_98755C.5	942 - 962	<i>Zea mays</i>	
diana de miR164	diana de miR164	1310	MRT4577_9951 C.8	930 - 950	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR166	1311			<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	Revoluta	1312			<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
no responde a miARN	Revoluta (sin respuesta a miR166)	1313			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
no responde a miARN	Revoluta (sin respuesta a miR166)	1314			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR166	diana de miR166	1315	MRT3635_23433C.2	197-217	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1316	MRT3635_50942C.2	298 - 318	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR166	sin fibra interfascicular 1; IFL1; proteína de dominio HDZIPIII	1317	MRT3702_104431 C.5	1262 - 1282	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio de cremallera de leucina	1318	MRT3702_104605C.6	915-935	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio de cremallera de leucina; ATHB-15	1319	MRT3702_113325C.3	1268 - 1288	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio de cremallera de leucina 14; ATHB-14	1320	MRT3702_120571 C.3	1281 - 1301	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio de cremallera de leucina 8; hb-8	1321	MRT3702_18869C.5	934 - 954	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR166	Glucosil transferasa	1322	MRT3702_24778C.3	2793-2813	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR166	CORONA; dominio START; factor de transcripción de dominio HDZIPIII	1323	MRT3708_45624C.1	210-230	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR166	proteína HD-Zip (proteína de homeodominio-cremallera de leucina); dominio START	1324	MRT3708_5493C.1	79 - 99	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1325	MRT3712_4770C.1	229 - 249	<i>Brassica oleracea</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°.	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR166	diana de miR166	1326	MRT3847_209034C.4	506 - 526	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1327	MRT3847_233286C.5	730 - 750	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1328	MRT3847_248020C.5	298 - 318	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	diana de miR 166	1329	MRT3847_251781C.4	950 - 970	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1330	MRT3847_288367C.4	1562 - 1582	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	proteína 4 de HD-ZIP de clase III	1331	MRT3847_296736C.1	869 - 889	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	proteína 4 de HD-ZIP de clase III	1332	MRT3847_326691C.1	910-930	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1333	MRT3847_348410C.1	912 - 932	<i>Glycine max</i>	
diana de miR166	proteína 8 de HD-ZIP de clase III	1334	MRT3880_12194C.1	788 - 808	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR166	proteína 1 de HD-ZIP de clase III	1335	MRT3880_30145C.1	560 - 580	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR166	proteína 6 de HD-ZIP de clase III	1336	MRT3880_37546C.1	819-839	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR166	proteína 6 de HD-ZIP de clase III	1337	MRT3880_39764C.1	536 - 556	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio de cremallera de leucina	1338	MRT4530_10527C.4	959 - 979	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1339	MRT4530_107863C.5	880 - 900	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR166	Proteína Hox10 de homeodominio cremallera de leucina; dominio START	1340	MRT4530_160340C.3	1031 - 1051	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1341	MRT4530_21619C.2	563 - 583	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1342	MRT4530_253068C.2	957 - 977	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1343	MRT4558_27560C.1	750 - 770	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1344	MRT4565_226777C.1	285 - 305	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1345	MRT4565_232172C.1	168 - 188	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR166	proteína de homeodominio-cremallera de leucina; dominio START	1346	MRT4565_264759C.1	954 - 973	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1347	MRT4577_141500C.4	839 - 859	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1348	MRT4577_200605C.3	788 - 808	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	hoja enrollada; RLD1; homeodominio de cremallera de leucina de clase II (HD-ZIPIII)	1349	MRT4577_229497C.6	1098 - 1118	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	hoja enrollada 1; Caja homeostática; Dominio de caja homeostática; dominio START	1350	MRT4577_312384C.3	563 - 583	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1351	MRT4577_320718C.6	963 - 983	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1352	MRT4577_342259C.4	1092 - 1112	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1353	MRT4577_442838C.4	1159 - 1179	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1354	MRT4577_535676C.2	560 - 580	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1355	MRT4577_535928C.2	1142 - 1162	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR166	diana de miR166	1356	MRT4577_566770C.1	545 - 565	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1357	MRT4577_568616C.1	801 - 821	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166.	1358	MRT4577_586718C.1	572 - 592	<i>Zea mays</i>	
diana de miR 166	diana de miR166	1359	MRT4577_659410C.1	788 - 808	<i>Zea mays</i>	
diana de miR166	diana de miR166	1360	MRT4577_673351C.1	161 - 181	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR167b	1361			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR167b	1362			<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	ARF8	1363			<i>Zea mays</i>	
no responde a miARN	ARF8 (sin respuesta a miR167)	1364			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR167	factor 8 de respuesta a auxina; ARF8;	1365	MRT3702_22410C.4	4382 - 4402	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR167	dominio de factor de respuesta a auxina; similar a ARF8	1366	MRT3708_50323C.1	89 - 109	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1367	MRT3847_305421C.4	1358 - 1378	<i>Glycine max</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1368	MRT3847_340154C.1	1586 - 1606	<i>Glycine max</i>	
diana de miR167	dominio de factor de respuesta a auxina; similar a ARF8	1369	MRT3847_41926C.6	1489-1509	<i>Glycine max</i>	
diana de miR167	dominio de factor de respuesta a auxina; similar a ARF8	1370	MRT3880_12926C.1	365 - 385	<i>Medicago truncatula</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR167	dominio de factor de respuesta a auxina, similar a ARF8	1371	MRT3880_25270C.1	1758 - 1778	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1372	MRT4513_29483C.2	564 - 584	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1373	MRT4530_178528C.2	2219-2239	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR167	dominio de factor de respuesta a auxina, similar a ARF8	1374	MRT4530_86291C.3	2659 - 2679	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR167	dominio de factor de respuesta a auxina, similar a ARF8	1375	MRT4558_37108C.1	147-167	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1376	MRT4577_306050C.5	647 - 667	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1377	MRT4577_339989C.4	2584 - 2604	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1378	MRT4577_377896C.4	244 - 264	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1379	MRT4577_521851C.2	1595 - 1615	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1380	MRT4577_650810C.1	1618 - 1638	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1381	MRT4577_680014C.1	208 - 228	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1382	MRT4577_681995C.1	230 - 250	<i>Zea mays</i>	
diana de miR167	diana de miR167	1383	MRT4577_683953C.1	442 - 462	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR169	1384			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR169	1385			<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	familia NFY de TF	1386			<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
no responde a miARN	Familia NFY de TF (son respuesta a miR 169)	1387			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1388	MRT3635_18720C.2	1123 - 1143	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	FIAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT	1389	MRT3635_24490C.1	345 - 365	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1390	MRT3635_60547C.1	1610-1630	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1391	MRT3635_63203C.1	1353-1373	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1392	MRT3635_63602C.1	692 - 712	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1393	MRT3635_751C.2	1156 - 1176	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1394	MRT3635_7843C.2	302 - 322	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR169	factor de transcripción FIAP2/CCAAT; At3g05690	1395	MRT3702_11008C.6	1183 - 1203	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2A, proteína de la familia de factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA); ATFIAP2A, EMBRYO DEFECTIVE 2220	1396	MRT3702_145277C.3	1122 - 1142	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1397	MRT3702_145278C.1	1870 - 1890	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1398	MRT3702_1608C.8	1254 - 1274	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1399	MRT3702_167062C.2	1489-1509	<i>Arabidopsis thaliana</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR169	HAP2C, proteína de la familia de factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA); Atlg 17590	1400	MRT3702_175138C.1	1412 - 1432	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2A, proteína de la familia de factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA); ATFIAP2A, EMBRYO DEFECTIVE 2220	1401	MRT3702_176968C.1	1037 - 1057	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1402	MRT3702_180826C.1	1610-1630	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1403	MRT3702_20139C.6	1305 - 1325	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1404	MRT3702_20659C.7	1428-1448	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1405	MRT3702_4133C.5	1308-1328	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1406	MRT3702_5699C.6	1504 - 1524	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1407	MRT3708_42756C.1	928 - 948	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR169	diana de miR 169	1408	MRT3708_45516C.2	1074 - 1094	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1409	MRT3708_46224C.1	1017-1037	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1410	MRT3708_56325C.1	670 - 690	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1411	MRT3711_4547C.1	157 - 177	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1412	MRT3712_6671C.1	481 - 501	<i>Brassica oleracea</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1413	MRT3847_251095C.3	995 - 1015	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1414	MRT3847_25786C.5	1208 - 1228	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1415	MRT3847_278998C.2	722 - 742	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1416	MRT3847_305217C.3	1028-1048	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1417	MRT3847_312701C.1	803 - 823	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1418	MRT3847_335193C.1	1452 - 1472	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1419	MRT3847_51286C.6	801 - 821	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1420	MRT3847_53466C.6	1490 - 1510	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1421	MRT3847_53467C.5	902 - 922	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1422	MRT3847_54010C.4	1403-1423	<i>Glycine max</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1423	MRT3880_16272C.2	1496-1516	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1424	MRT3880_21811C.2	1054 - 1074	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1425	MRT3880_36579C.1	90-110	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1426	MRT3880_48656C.1	73 - 94	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1427	MRT3880_55431C.1	145-166	<i>Medicago truncatula</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1428	MRT3880_59679C.1	1288 - 1288	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1429	MRT3880_9392C.1	182 - 202	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1430	MRT4513_27452C.1	721 - 741	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1431	MRT4513_38912C.1	1037 - 1057	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1432	MRT4513_51394C.1	631 - 651	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1433	MRT4530_156068C.3	1715-1735	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1434	MRT4530_16169C.4	1389-1409	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1435	MRT4530_196466C.4	2027 - 2047	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1436	MRT4530_223395C.1	653 - 673	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	proteína RAPB; rapB	1437	MRT4530_225972C.3	867 - 887	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1438	MRT4530_238300C.1	220 - 240	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1439	MRT4530_267924C.1	1002 - 1022	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1440	MRT4530_268072C.1	756 - 776	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1441	MRT4530_52650C.3	1391 - 1411	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1442	MRT4530_67920C.7	1637 - 1657	<i>Onyza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°.	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1443	MRT4530_98042C.6	1170 - 1190	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1444	MRT4558_11671C.2	530 - 550	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1445	MRT4558_13240C.2	880 - 900	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1446	MRT4558_19368C.2	726 - 746	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR169	Factor de transcripción	1447	MRT4558_8287C.2	346 - 366	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1448	MRT4565_219265C.1	936 - 956	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1449	MRT4565_224073C.1	1081 - 1101	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1450	MRT4565_232474C.1	1040 - 1060	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1451	MRT4565_236768C.1	1284 - 1304	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1452	MRT4565_240119C.1	934 - 954	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1453	MRT4565_250357C.1	1230 - 1250	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1454	MRT4565_270644C.1	1050 - 1070	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1455	MRT4565_271488C.1	1032 - 1052	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR169	HAP2, factor de transcripción de unión a CCAAT (CBF-B/NF-YA)	1456	MRT4565_271817C.1	2171-2191	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1457	MRT4565_278167C.1	895 - 915	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR169	diana de miR 169	1458	MRT4577_136204C.6	573 - 593	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1459	MRT4577_192239C.6	1297 - 1317	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1460	MRT4577_270253C.7	1375 - 1395	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1461	MRT4577_321589C.4	1051 - 1071	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR 169	1462	MRT4577_35015C.6	1679 - 1699	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1463	MRT4577_40749C.8	1361 - 1381	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1464	MRT4577_411247C4	1445-1465	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1465	MRT4577_428392C.4	1583-1603	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1466	MRT4577_434247C.4	671 - 691	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1467	MRT4577_536961C.2	920 - 940	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1468	MRT4577_536962C.2	1836 - 1856	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1469	MRT4577_540147C.2	1327-1347	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1470	MRT4577_556372C.2	1417-1437	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1471	MRT4577_570253C.1	340 - 360	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR169	diana de miR169	1472	MRT4577_570254C.1	1391 - 1411	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1473	MRT4577_668660C.1	1292 - 1312	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR 169	1474	MRT4577_693949C.1	400 - 420	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1475	MRT4577_701125C.1	471 - 491	<i>Zea mays</i>	
diana de miR169	diana de miR169	1476	MRT4577_72313C.1	262 - 282	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR171b	1477			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN para la sobreexpresión de miR171 maduro	osa-MIR171b (precursor)	1478			<i>Oryza sativa</i>	Rendimiento mejorado*
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1479	MRT4577_520619C.1	106 - 126	<i>Zea mays</i>	
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1480	MRT4577_139132C.5	1336 - 1356	<i>Zea mays</i>	
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1481	MRT4577_75777C.7	640 - 660	<i>Zea mays</i>	
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1482	MRT4577_234039C.5	771 - 791	<i>Zea mays</i>	
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1483	MRT4577_57336C.8	1274 - 1294	<i>Zea mays</i>	
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1484	MRT4577_140896C.5	507 - 527	<i>Zea mays</i>	
diana de miR171	Proteína Sell similar a Scarecrow (3e-37); Factor de transcripción de familia GRAS	1485	MRT4577_30852C.5	800 - 820	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
miARN	miR172	1486			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR172	1487			<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	Glossy 15	1488			<i>Zea mays</i>	
Señuelo	señuelo de miR172	1489			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
Señuelo	señuelo de miR172	1490			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
Señuelo	señuelo de miR172	1491			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
miARN	miRMON18	1492			<i>Zea mays</i>	
Bloqueador de la escisión	Bloqueador de la escisión de miR172	1493			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1494	MRT3635_50596C.2	622 - 642	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1495	MRT3635_64291C.1	246 - 266	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1496	MRT3635_64989C.1	1102 - 1122	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1497	MRT3635_65450C.1	241 - 261	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1498	MRT3635_70864C.1	646 - 666	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1499	MRT3635_8244C.2	1657 - 1677	<i>Gossypium hirsutum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1500	MRT3702_103726C.5	1044 - 1064	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	proteína RAP2.7 que contiene dominio AP2	1501	MRT3702_103748C.5	1560 - 1580	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHLAFMUTZE; SMZ	1502	MRT3702_14904C.2	1095 - 1115	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1503	MRT3702_150241C.1	947 - 967	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1504	MRT3702_156728C.3	1030 - 1050	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	APETALA2; AP2	1505	MRT3702_168284C.1	1271 - 1291	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	Factor de transcripción que contiene dominio AP2, RAP2.7	1506	MRT3702_175574C.1	1630 - 1650	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1507	MRT3702_179746C.1	263 - 283	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1508	MRT3702_19267C.5	1368 - 1388	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	similar a factor de elongación 2	1509	MRT3702_4319C.8	1045 - 1065	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1510	MRT3702_76733C.6	1663 - 1683	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1511	MRT3708_36942C.2	411 -431	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1512	MRT3708_39387C.1	366 - 386	<i>Brassica napus</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1513	MRT3711_6838C.1	137 - 157	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1514	MRT3847_196945C.3	667 - 687	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1515	MRT3847_202930C.3	1630 - 1650	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1516	MRT3847_235857C.3	1789 - 1809	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1517	MRT3847_257655C.4	1984-2004	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1518	MRT3847_289890C.3	2213-2233	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	diana de miR 172	1519	MRT3847_289891C.3	529 - 549	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1520	MRT3847_295726C.1	1539 - 1559	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1521	MRT3847_326790C.1	1269 - 1289	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1522	MRT3847_329301C.1	775 - 795	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1523	MRT3847_344570C.1	564 - 584	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1524	MRT3847_43925C.7	811 - 831	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1525	MRT3847_46007C.5	1544 - 1564	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1526	MRT3847_51633C.3	910-930	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1527	MRT3847_59804C.6	2369 - 2389	<i>Glycine max</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1528	MRT3880_19283C.1	558 - 578	<i>Medicago truncatula</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1529	MRT3880_32459C.1	311 - 331	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1530	MRT3880_36568C.1	1424 - 1444	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1531	MRT3880_39959C.1	1689-1709	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1532	MRT3880_55789C.1	1241 - 1261	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1533	M RT4513_42015C. 1	1464 - 1484	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1534	MRT4513_6417C.1	632 - 652	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1535	MRT4530_140532C.4	1358 - 1378	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1536	MRT4530_146548C.4	669 - 689	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1537	MRT4530_160275C.3	1405-1425	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1538	MRT4530_16723C.7	804 - 824	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1539	MRT4530_209082C.4	1976 - 1996	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1540	MRT4530_212672C.3	187-207	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1541	MRT4530_238241C.2	1481 - 1501	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1542	MRT4530_263068C.2	1768 - 1788	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1543	MRT4530_266671C. 1	2391 -2411	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR172	diana de miR172	1544	MRT4530_272652C.1	378 - 398	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1545	MRT4530_274692C.1	236 - 256	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1546	MRT4530_56773C.3	1148 - 1168	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	Similar a proteína de dedo de cinc (dedo RING de tipo C3HC4), transporte, núcleo, unión a ion metálico	1547	MRT4530_57252C.7	41 - 61	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1548	MRT4558_24999C.3	298 - 318	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR172	factor de transcripción de dominio AP2; SCHNARCHZAPFEN; SNZ	1549	MRT4558_25704C.2	512 - 532	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1550	MRT4565_108668C.1	220 - 240	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1551	MRT4565_118657C.1	354 - 374	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1552	MRT4565_235388C.1	572 - 592	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1553	MRT4565_245146C.1	1148 - 1168	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1554	MRT4565_247090C.1	1462 - 1482	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1555	MRT4565_249252C.1	551 - 571	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1556	MRT4565_256056C.1	810-830	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1557	MRT4565_273183C.1	1152 - 1172	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1558	MRT4565_279009C.1	1155 - 1175	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1559	MRT4565_83602C.3	26-46	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	Glucosiltransferasa	1560	MRT4565_88032C.3	361 - 381	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1561	MRT4577_12523C.7	2414-2434	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1562	MRT4577_243746C.1	140-160	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1563	MRT4577_27478C.9	1546 - 1566	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1564	MRT4577_304712C.4	1326-1346	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1565	MRT4577_307553C.7	1508-1528	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1566	MRT4577_39951C.8	1611 - 1631	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1567	MRT4577_431122C.3	1359 - 1379	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1568	MRT4577_431125C.4	824 - 844	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1569	MRT4577_455774C.3	963 - 983	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1570	MRT4577_468762C.3	2414-2434	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1571	MRT4577_49516C.9	408 - 428	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	similar a factor de transcripción de dominio AP2	1572	MRT4577_49517C.8	1652 - 1672	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1573	MRT4577_548310C.2	1451 - 1471	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR172	diana de miR172	1574	MRT4577_556612C.2	1352 - 1372	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR 172	1575	MRT4577_597136C.1	551 - 571	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1576	MRT4577_616573C.1	670 - 690	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR 172	1577	MRT4577_668951C.1	270 - 290	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1578	MRT4577_669210C.1	1031 - 1051	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1579	MRT4577_676464C.1	1308 - 1328	<i>Zea mays</i>	
diana de miR 172	diana de miR 172	1580	MRT4577_679724C.1	157 - 177	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR 172	1581	MRT4577_700043C.1	147-167	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1582	MRT4577_701524C.1	136 - 156	<i>Zea mays</i>	
diana de miR172	diana de miR172	1583	MRT4577_708079C.1	540 - 560	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR319	1584			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN para la sobreexpresión de miR319 maduro	osa-MIR319 (precursor)	1585			<i>Onyza sativa</i>	Rendimiento mejorado*
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1586	MRT4577_275782C.5	1673 - 1692	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1587	MRT4577_558102C.1	949 - 968	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1588	MRT4577_30525C.5	1316-1335	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1589	MRT4577_275060C.2	818-836	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID Nº:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1590	MRT4577_22397C.4	943 - 961	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1591	MRT4577_275063C.5	1247 - 1265	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1592	MRT4577_480991C.1	150-169	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1593	MRT4577_427906C.3	1557 - 1576	<i>Zea mays</i>	
diana de miR319	factor de transcripción de familia TCP	1594	MRT4577_213173C.3	1594 - 1613	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR396	1595			<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	Zm-GRF1	1596			<i>Zea mays</i>	
Señuelo	señuelo de miR396	1597			Construcción artificial	Rendimiento mejorado*
Señuelo	señuelo de miR396	1598			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
Señuelo	señuelo de miR396	1599			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR396	diana de miR396	1600	MRT3635_67262C.1	6-25	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1601	MRT3635_70418C.1	147-166	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1602	MRT3635_71272C.1	414-433	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1603	MRT3635_71696C.1	37 - 56	<i>Gossypium hirsutum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR396	proteína similar a ARN helicasa dependiente de ATP	1604	MRT3702_15262C.6	1141 - 1160	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR396	proteína de la familia de subtilasas, contiene perfil Pfam: familia de subtilasas PF00082	1605	MRT3702_17628C.6	1886 - 1905	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1606	MRT3702_18069C.6	2763 - 2782	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1607	MRT3702_2454C.7	1387-1406	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1608	MRT3708_59476C.1	194-213	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1609	MRT3708_61891C.1	236 - 255	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR396	Precursor de proteinasa de cisteína, proteólisis; actividad endopeptidasa de tipo cisteína	1610	MRT3847_115000C.2	180 - 199	<i>Glycine max</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1611	MRT3847_249313C.3	1165 - 1184	<i>Glycine max</i>	
diana de miR396	Fimbriata putativa, ciclo de ubiquitina, núcleo, unión a proteína	1612	MRT3847_260044C.4	1337 - 1356	<i>Glycine max</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1613	MRT3847_282324C.5	578 - 597	<i>Glycine max</i>	
diana de miR396	Citocromo b5 microsomal, transporte electrónico, membrana interna mitocondrial, unión a ion de hierro	1614	MRT3847_32554C.3	245 - 264	<i>Glycine max</i>	
diana de miR396	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1 - precursor 1 de cinasa receptora asociada (EC 2.7.11.1)(cinasa 1 receptora asociada a BRI 1) (cinasa 3 similar a receptor de embriogénesis somática), fosforilación de aminoácidos de proteínas, integral de membrana, actividad de proteína serina/treonina cinasa	1615	MRT3847_60193C.5	1967 - 1986	<i>Glycine max</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1616	MRT3847_72393C.1	34 - 53	<i>Glycine max</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR396	ATPasa similar a AFG1 putativa	1617	MRT4513_2056C.1	294 - 313	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR396	Fimbriata putativa, la diferenciación celular, núcleo, unión a proteína	1618	MRT4513_23211C.1	721 - 740	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR396	Citocromo 2, reparación de ADN, actividad de ADN fotoliasa	1619	MRT4513_24452C.1	19 - 38	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1620	MRT4513_32857C.1	621 - 640	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR396	Proteína 5 locus S	1621	MRT4513_48780C.1	84 - 103	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1622	MRT4530_139664C.5	2371 - 2390	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	ARN polimerasa III putativa, RNA_pol_Rpb2_1: subunidad beta de ARN polimerasa, RNA_pol_Rpb2_3: Rpb2 de ARN polimerasa, dominio 3, RNA_pol_Rpb2_4: Rpb2 de ARN polimerasa, dominio 4, RNA_pol_Rpb2_5: Rpb2 de ARN polimerasa, dominio 5, RNA_pol_Rpb2_6: Rpb2 de ARN polimerasa, dominio 6, RNA_pol_Rpb2_7: Rpb2 de ARN polimerasa, dominio 7; transcripción; núcleo; unión a ion metálico	1623	MRT4530_171648C.2	1063-1082	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1624	MRT4530_267934C.1	467 - 486	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1625	MRT4530_268027C.1	95-114	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1626	MRT4530_27400C.6	682 - 701	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1627	MRT4530_59122C.7	573 - 591	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1628	MRT4530_62393C.7	2341 - 2360	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1629	MRT4530_81835C.6	1243 - 1262	<i>Onyza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR396	Proteína hipotética P0698A04.3; GRP: Familia de proteína rica en glicina	1630	MRT4530_98651C.4	271 -290	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR396	Fimbriata putativa, Caja F: dominio de caja F	1631	MRT4558_11973C.2	1234 - 1253	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR396	Metiltransferasa, putativa, célula (sensu <i>Magnoliophyta</i>), actividad de metiltransferasa	1632	MRT4558_29180C.1	101 - 120	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1633	MRT4558_34091C.1	266 - 285	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR396	Cinasa similar a receptor putativo; Pkinase_Tyr: Proteína tirosina cinasa, fosforilación de aminoácidos de proteínas, integral de membrana, actividad de proteína tirosina cinasa	1634	MRT4558_9324C.2	375 - 394	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR396	Acil-CoA deshidrogenasa, putativa	1635	MRT4565_127266C.2	27-46	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1636	MRT4565_162831C.1	1134 - 1153	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Subunidad pequeña de ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa/oxigenasa	1637	MRT4565_200090C.1	1047 - 1066	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Fimbriata putativa	1638	MRT4565_230957C.1	450 - 469	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Proteína similar a Dirigent	1639	MRT4565_234418C.1	1427-1446	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	proteína de caja F putativa	1640	MRT4565_242541C.1	1472 - 1491	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Folipoliglutamato sintetasa putativa, biosíntesis de ácido fólico y derivados, espacio extracelular, unión a ATP	1641	MRT4565_244837C.1	918-937	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1642	MRT4565_248632C.1	625 - 644	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR396	diana de miR396	1643	MRT4565_249453C.1	108 - 127	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	FoIipoliglutamato sintetasa, putativa, biosíntesis de ácido fólico y derivados, unión a ATP (4e-99)	1644	MRT4565_253149C.1	616-635	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Fitocromo/similar a proteína cinasa, fosforilación de aminoácidos de proteínas, actividad de proteína tirosina cinasa	1645	MRT4565_253747C.1	894 - 913	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Fimbriata putativa	1646	MRT4565_259298C.1	1362 - 1381	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Fimbriata putativa	1647	MRT4565_260134C.1	414-433	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1648	MRT4565_273137C.1	137 - 156	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR396	Dihidrolipoamida S-acetiltransferasa putativa; Biotin_lipoyl: Enzima que requiere biotina, metabolismo, mitocondria, actividad de acetiltransferasa de resto de dihidrolipolisina	1649	MRT4577_130243C.1	12 - 31	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1650	MRT4577_165771C.1	95-114	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1651	MRT4577_213750C.1	60 - 79	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1652	MRT4577_26483C.7	805 - 824	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1653	MRT4577_341149C.6	1110 - 1129	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1654	MRT4577_355112C.1	159-177	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	gag-pol putativa	1655	MRT4577_406214C.1	376 - 395	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	beta-ceto acil reductasa; biosíntesis de cerca cuticular; glossy8	1656	MRT4577_416676C.5	1463 - 1482	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR396	diana de miR396	1657	MRT4577_521629C.3	555 - 574	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1658	MRT4577_540304C.2	1355 - 1374	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1659	MRT4577_540948C.2	1095 - 1114	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1660	MRT4577_548836C.1	467 - 486	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	Proteína de retrotransposón, putativa, no clasificada; Retrotrans_gag: Proteína gag de retrotransposón, replicación de ADN dependiente de ARN, núcleo, actividad de ADN polimerasa dirigida por ARN	1661	MRT4577_555855C.1	148-167	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1662	MRT4577_557678C2	344 - 363	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1663	MRT4577_561121C.1	956 - 975	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1664	MRT4577_564288C.1	290 - 309	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1665	MRT4577_56429C.8	1315 - 1334	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1666	MRT4577_595828C.1	63 - 82	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1667	MRT4577_613832C.1	1029-1048	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1668	MRT4577_619443C.1	394-413	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1669	MRT4577_635169C.1	602 - 621	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1670	MRT4577_638921C.1	172 - 191	<i>Zea mays</i>	
diana de miR396	diana de miR396	1671	MRT4577_664914C.1	581 - 600	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR393	1672			<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1673	MRT3635_18188C.2	746 - 766	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1674	MRT3635_18850C.2	171 - 191	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1675	MRT3635_35639C.2	1049 - 1069	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1676	MRT3635_49076C.2	373 - 393	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1677	MRT3635_68504C.1	1996-2016	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1; At3g26830	1678	MRT3702_13118C.8	2015-2035	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1679	MRT3702_145409C.1	1508 - 1528	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1680	MRT3702_15703C.8	1738 - 1758	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1681	MRT3702_16076C.7	1587 - 1607	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1; At1g12820	1682	MRT3702_92498C.6	1898 - 1918	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1683	MRT3708_31301C.1	259 - 280	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1684	MRT3708_52518C.1	250 - 270	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1685	MRT3708_55951C.1	93-113	<i>Brassica napus</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1686	MRT3711_1771C.1	103 - 123	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1687	MRT3847_238705C.4	1172 - 1192	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1688	MRT3847_27973C.7	1339 - 1359	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1689	MRT3847_313402C.3	958 - 978	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1690	MRT3847_329954C.2	1740 - 1760	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1691	MRT3847_335477C.1	1715-1735	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1692	MRT3847_338734C.1	1474 - 1494	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1693	MRT3847_44371 C.6	2345 - 2365	<i>Glycine max</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1694	MRT3880_18564C.2	3116-3136	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1695	MRT3880_38847C.1	139 - 159	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1696	MRT4513_12741C.1	197-217	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1697	MRT4513_38675C.1	419-439	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1698	MRT4530_113561C.5	5590 - 5610	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1699	MRT4530_237446C.2	2221 -2241	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1700	MRT4530_241313C.2	1706-1726	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1701	MRT4558_1226C.2	167-187	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1702	MRT4558_20000C.2	412-432	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1703	MRT4565_141193C.1	43 - 63	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1704	MRT4565_226582C.1	486 - 506	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1705	MRT4565_247449C.1	28-48	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR393	proteína similar a respuesta de inhibidor de transporte similar a TIR1	1706	MRT4565_274399C.1	1499 - 1519	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1707	MRT4577_262597C.7	2373 - 2393	<i>Zea mays</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1708	MRT4577_39097C.9	1716-1736	<i>Zea mays</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1709	MRT4577_546333C.2	1349 - 1369	<i>Zea mays</i>	
diana de miR393	diana de miR393	1710	MRT4577_656737C.1	1325-1345	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR395	1711			<i>Zea mays</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1712			<i>Zea mays</i>	
Señuelo	señuelo de miR395	1713			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1714	MRT3635_15903C.2	410-429	<i>Gossypium hirsutum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1715	MRT3635_48567C.2	480 - 499	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1716	MRT3702_166264C.1	202 - 221	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1717	MRT3702_169467C.1	107 - 126	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1718	MRT3702_17054C.8	470 - 489	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1719	MRT3702_177422C.1	340 - 359	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1720	MRT3702_20451C.6	125-144	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1721	MRT3702_23086C.8	544 - 563	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1722	MRT3702_57141C.1	331 - 350	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1723	MRT3708_36129C.1	403 - 422	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1724	MRT3708_4492C.1	316-335	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1725	MRT3708_55043C.1	400-419	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1726	MRT3711_3394C.1	356 - 375	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1727	MRT3711_4165C.1	383 - 402	<i>Brassica rapa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID Nº.	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1728	MRT3711_4313C.1	384 - 403	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1729	MRT3712_1686C.1	124 - 143	<i>Brassica oleracea</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1730	M RT3847_ 10451C.5	125-144	<i>Glycine max</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1731	MRT3847_131987C.4	153 - 172	<i>Glycine max</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1732	MRT3847_14792C.7	641 - 660	<i>Glycine max</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1733	MRT3847_245035C.3	64 - 83	<i>Glycine max</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1734	MRT3847_331787C.1	381 -400	<i>Glycine max</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1735	MRT4530_16384C.4	560 - 579	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1736	MRT4530_33633C.6	746 - 765	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1737	MRT4558_11861C.1	474 - 493	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1738	MRT4558_24400C.2	275 - 294	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR395	Transportador de sulfato	1739	M RT4565_219452C. 1	259 - 278	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1740	MRT4565_223839C.1	541 - 560	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfurilasa	1741	MRT4565_232080C.1	462 -481	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID Nº:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1742	MRT4565_236093C.1	542 - 561	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1743	MRT4565_254783C.1	482 - 501	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR395	diana de miR395	1744	MRT4565_35429C.3	207 - 226	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1745	MRT4577_118322C.5	455 - 474	<i>Zea mays</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1746	MRT4577_386324C.4	465 - 484	<i>Zea mays</i>	
diana de miR395	proteína de dominio de ATP sulfuriasa	1747	MRT4577_57434C.9	528 - 547	<i>Zea mays</i>	
diana de miR395	diana de miR395	1748	MRT4577_644561C.1	27-46	<i>Zea mays</i>	
diana de miR395	diana de miR395	1749	MRT4577_694623C.1	449 - 468	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR398	1750			<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	SOD y citocromo c oxidasa	1751			<i>Zea mays</i>	
Señuelo	señuelo de miR398	1752			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
Señuelo	señuelo de miR398	1753			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR398	diana de miR398	1754	MRT3702_118804C.3	1651 - 1671	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1755	MRT3708_22683C.2	117 - 137	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR398	Similar a Last	1756	MRT3847_22858C.5	2306 - 2326	<i>Glycine max</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1757	MRT3847_235546C.3	112 - 132	<i>Glycine max</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1758	MRT4530_151653C.4	66 - 86	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1759	MRT4530_201873C.4	1720-1740	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1760	MRT4530_20521C.4	152 - 172	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1761	MRT4558_3896C.2	103 - 123	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1762	MRT4558_9962C.2	176 - 196	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1763	MRT4565_118267C.1	66 - 86	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1764	MRT4565_122618C.1	14 - 34	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1765	MRT4565_123037C.3	94-114	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1766	MRT4565_129871C.1	54 - 74	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1767	MRT4565_133338C.1	172 - 192	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1768	MRT4565_162003C.1	144 - 164	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1769	MRT4565_16358C.1	66 - 86	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1770	MRT4565_187852C.1	194-214	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1771	MRT4565_201143C.1	93-113	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1772	MRT4565_201144C.1	85 - 105	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Subunidad Vb de citocromo c oxidasa	1773	MRT4565_221067C.1	153 - 173	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Subunidad Vb de citocromo c oxidasa	1774	MRT4565_223829C.1	139 - 159	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Subunidad Vb de citocromo c oxidasa	1775	MRT4565_230710C.1	303 - 323	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1776	MRT4565_236346C.1	91-111	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1777	MRT4565_244294C.1	69 - 89	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Subunidad Vb de citocromo c oxidasa	1778	MRT4565_246005C.1	160 - 180	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1779	MRT4565_248858C.1	69 - 89	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1780	MRT4565_72209C.2	105 - 125	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1781	MRT4577_19020C.8	92-112	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1782	MRT4577_211709C.6	85 - 105	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1783	MRT4577_329847C.3	89 - 109	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1784	MRT4577_329851C.4	114 - 134	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1785	MRT4577_335011C.2	7-27	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1786	MRT4577_339810C.4	174 - 194	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1787	MRT4577_339813C.4	233 - 253	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1788	MRT4577_358061C.1	120-140	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1789	MRT4577_388896C.4	200 - 220	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1790	MRT4577_401904C.1	49 - 69	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1791	MRT4577_54564C.7	147-167	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1792	MRT4577_561629C.1	222 - 242	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1793	MRT4577_570532C.1	129-149	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	Proteína de dominio de superóxido dismutasa de cobre/cinc (SODC)	1794	MRT4577_571443C.1	184-204	<i>Zea mays</i>	
diana de miR398	diana de miR398	1795	MRT4577_648609C.1	83 - 103	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR399	1796			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR399	1797			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR399	1798			<i>Zea mays</i>	
miARN	miR399	1799			<i>Zea mays</i>	
diana de miR399	Transportador de <i>pho2</i> y fosfato inorgánico	1800			<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
Sefuelo	sefuelo de miR399	1801			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
Bloqueador de la escisión	bloqueador de la escisión de miR399 (en armazón de miRMON1)	1802			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR399	E2, enzima de conjugación a ubiquitina, At2g33770 PH02	1803	MRT3702_9137C.7	607 - 627	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR399	Enzima de conjugación a ubiquitina E2 similar a PH02 (fosfato)	1804	MRT3847_4521C.5	139 - 159	<i>Glycine max</i>	
diana de miR399	Transportador de fosfato	1805	MRT3847_51499C.6	381 - 401	<i>Glycine max</i>	
diana de miR399	Enzima de conjugación a ubiquitina E2 similar a PH02 (fosfato)	1806	MRT3880_39637C.1	33 - 53	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1807	MRT3880_45031C.1	512 - 532	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1808	MRT3880_48872C.1	5-25	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1809	MRT3880_54972C.1	5-25	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR399	Transportador de fosfato	1810	MRT3880_64645C.1	245 - 265	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1811	MRT4530_189375C.1	502 - 522	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR399	Transportador de fosfato	1812	MRT4530_40506C.4	292 - 312	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1813	MRT4530_53090C.4	821 - 841	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1814	MRT4530_7904C.4	1144 - 1164	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR399	diana de miR399	1815	MRT4558_16475C.1	693 - 713	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1816	MRT4558_34625C.1	171 - 191	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR399	diana de miR399	1817	MRT4565_160343C.1	481 - 501	<i>Triticum aestivum</i>	
miARN	miR408	1818			<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	lacasa y plantacianina	1819			<i>Zea mays</i>	
Sefuelo	sefuelo de miR408	1820			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1821	MRT3635_36078C.2	61 - 80	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1822	MRT3635_36080C.2	61 - 80	<i>Gossypium hirsutum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1823	MRT3702_153631C.1	42 - 61	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1824	MRT3702_20027C.5	108 - 127	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1825	MRT3702_20202C.5	99-118	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1826	MRT3702_6668C.5	71 - 90	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1827	MRT3708_48434C.2	137 - 156	<i>Brassica napus</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1828	MRT3711_7108C.1	9-28	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1829	MRT3847_133008C.1	25-44	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1830	MRT3847_166855C.1	17 - 36	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1831	MRT3847_261984C.4	181-200	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1832	MRT3847_273040C.3	702 - 721	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1833	MRT3847_273288C.3	114 - 133	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1834	MRT3847_296270C.2	189-208	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1835	MRT3847_31127C.7	232 -251	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1836	MRT3847_329905C.2	137 - 156	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1837	MRT3847_336704C.1	58 - 77	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1838	MRT3847_343250C.1	286 - 305	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1839	MRT3847_346770C.1	38 - 57	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1840	MRT3847_349900C.1	68 - 87	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1841	MRT3847_66506C.8	33 - 52	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1842	MRT3847_66508C.1	12 - 31	<i>Glycine max</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1843	MRT3880_52991C.2	96-115	<i>Medicago truncatula</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1844	MRT3880_53025C.1	96-115	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1845	MRT3880_58299C.2	659 - 678	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1846	MRT3880_5838C.1	37 - 56	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1847	MRT3880_61178C.1	715-734	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1848	MRT4513_31098C.2	106 - 125	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1849	MRT4513_36864C.1	93-112	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1850	MRT4513_43046C.1	113-132	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1851	MRT4513_47240C.1	630 - 649	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1852	MRT4513_8677C.1	71 - 90	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1853	MRT4530_137979C.3	929 - 948	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1854	MRT4530_148564C.5	1091 - 1110	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1855	MRT4530_160612C.2	220 - 239	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoI oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1856	MRT4530_169405C.1	105 - 124	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1857	MRT4530_247839C.2	360 - 379	<i>Onyza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1858	MRT4530_260849C.1	658 - 677	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1859	MRT4530_26787C.5	611 - 630	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1860	MRT4530_274369C.1	112 - 131	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1861	MRT4530_275579C.1	108 - 127	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1862	MRT4530_36958C.6	99-118	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1863	MRT4530_40477C.6	182 - 201	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1864	MRT4530_69716C.6	162 - 181	<i>Onyza sativa</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1865	MRT4558_23167C.3	713-732	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1866	MRT4558_2496C.2	104 - 123	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1867	MRT4558_26802C.1	87 - 106	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1868	MRT4558_37109C.1	109 - 128	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1869	MRT4558_40844C.1	217-236	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1870	MRT4558_5019C.2	102 - 121	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1871	MRT4558_8981C.2	180 - 199	<i>Sorghum bicolor</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1872	MRT4565_100542C.3	91-110	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1873	MRT4565_130135C.1	10-29	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	proteína de dominio Hsp70	1874	MRT4565_198220C.1	1221 - 1240	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1875	MRT4565_202586C.1	51 - 70	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1876	MRT4565_216408C.1	206 - 225	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Transportador de amonio; dominio de hélice-bucle-hélice básico (bHLH)	1877	MRT4565_219732C.1	742 - 761	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1878	MRT4565_229783C.1	98-117	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1879	MRT4565_235378C.1	116 - 135	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1880	MRT4565_250808C.1	652 - 671	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1881	MRT4565_257176C.1	91-110	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1882	MRT4565_263239C.1	102 - 121	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1883	MRT4565_263949C.1	94-113	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1884	MRT4565_267955C.1	84 - 103	<i>Triticum aestivum</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1885	MRT4565_274907C.1	720 - 739	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1886	MRT4565_276632C.1	172 - 191	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1887	MRT4565_278866C.1	365 - 384	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1888	MRT4565_66211C.2	36 - 55	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1889	MRT4565_67059C.3	133-152	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1890	MRT4565_87146C.2	314-333	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1891	MRT4577_137208C.1	94-113	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1892	MRT4577_191445C.5	696 - 715	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1893	MRT4577_234909C.4	331 - 350	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1894	MRT4577_245033C.8	117 - 136	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1895	MRT4577_264839C.3	102 - 121	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1896	MRT4577_30771 C.9	282 - 301	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1897	MRT4577_325201C.6	619-638	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1898	MRT4577_325458C.1	59 - 78	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina*	1899	MRT4577_327865C.2	113-132	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	diana de miR408	1900	MRT4577_341887C.5	132 - 151	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1901	MRT4577_37590C.9	800 - 819	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1902	MRT4577_380413C.6	208 - 227	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1903	MRT4577_387021C.4	151 - 170	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1904	MRT4577_388860C.4	117 - 136	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1905	MRT4577_427804C.4	729 - 748	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1906	MRT4577_446604C.1	67 - 86	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1907	MRT4577_456053C.1	66 - 85	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1908	MRT4577_461451C.3	463 - 482	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1909	MRT4577_46308C.7	273 - 292	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1910	MRT4577_517561C.1	883 - 902	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1911	MRT4577_528699C.2	636 - 655	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1912	MRT4577_536494C.2	151 - 170	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1913	MRT4577_550892C.1	659 - 678	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1914	MRT4577_572693C.1	101 - 120	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1915	MRT4577_602288C.1	5-24	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1916	MRT4577_603948C.1	206 - 225	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR408	diana de miR408	1917	MRT4577_603999C.1	226 - 245	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1918	MRT4577_610458C.1	111-130	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1919	MRT4577_623809C.1	153-172	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1920	MRT4577_625157C.1	254 - 273	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1921	MRT4577_629379C.1	269 - 288	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1922	MRT4577_645720C.1	236 - 255	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1923	MRT4577_650403C.1	788 - 807	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1924	MRT4577_686202C.1	160 - 179	<i>Zea mays</i>	
diana de miR408	diana de miR408	1925	MRT4577_710942C.1	48 - 67	<i>Zea mays</i>	
miR444	miR444	1926			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN	miR444	1927			<i>Zea mays</i>	Rendimiento mejorado*
diana de miR444	Os.ANRI	1928			<i>Oryza sativa</i>	
no responde a miARN	Os.ANRI (sin respuesta a miR444)	1929			Construcción artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR444	AGL17, AGL21, ANR1	1930			<i>Zea mays</i>	
Señuelo	señuelo de miR444	1931			Construcción artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1932	MRT3847_247970C.2	471 -491	<i>Glycine max</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1933	MRT3847_259952C.3	453 - 473	<i>Glycine max</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1934	MRT3880_12754C.1	75 - 95	<i>Medicago truncatula</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1935	MRT4513_18691C.1	73 - 93	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1936	MRT4513_36208C.1	320 - 340	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1937	MRT4530_101813C.4	1164 - 1184	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1938	MRT4530_196636C.3	539 - 559	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1939	MRT4530_197829C.2	585 - 605	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1940	MRT4530_223119C.3	610-630	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1941	MRT4530_244375C.1	208 - 228	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1942	MRT4530_251481C.2	1234 - 1254	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1943	MRT4530_272160C.1	571 - 591	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1944	MRT4530_274638C.1	337 - 357	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1945	MRT4530_275771C.1	97-117	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1946	MRT4530_78475C.3	305 - 325	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1947	MRT4558_10090C.1	400 - 420	<i>Sorghum bicolor</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1948	MRT4558_11440C.2	434 - 454	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1949	MRT4558_3598C.3	1024 - 1044	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1950	MRT4558_37372C.1	1355-1375	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1951	MRT4565_247066C.1	375 - 395	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1952	MRT4565_39318C.3	416-436	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1953	MRT4565_98921C.1	352 - 372	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1954	MRT4577_166928C.8	1146 - 1166	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1955	MRT4577_204116C.4	475 - 495	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1956	MRT4577_296919C.6	475 - 495	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1957	MRT4577_321664C.4	1029-1049	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1958	MRT4577_417091C.4	1757 - 1777	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1959	MRT4577_502196C.3	468 - 488	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1960	MRT4577_537511C.2	364 - 384	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1961	MRT4577_538474C.2	451 -471	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1962	MRT4577_5433C.4	473 - 493	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR444	diana de miR444	1963	MRT4577_543434C.2	377 - 397	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	Proteína de factor de transcripción de caja MADS	1964	MRT4577_553467C.1	17 - 37	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1965	MRT4577_581326C.1	388 - 408	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1966	MRT4577_590710C.1	509 - 529	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1967	MRT4577_613242C.1	18 - 38	<i>Zea mays</i>	
diana de miR444	diana de miR444	1968	MRT4577_672581C.1	430 - 450	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR528	1969			<i>Zea mays</i>	
diana de miR528	SOD	1970			<i>Zea mays</i>	
Señuelo	señuelo de miR528	1971			Construcción artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR528	Proteína de unión a ácido salicílico	1972	MRT3847_26249C.5	98-118	<i>Glycine max</i>	
diana de miR528	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1973	MRT4513_36138C.1	838 - 858	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR528	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1974	MRT4513_39886C.1	35 - 55	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR528	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1975	MRT4513_5560C.1	506 - 525	<i>Hordeum vulgare</i>	
diana de miR528	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1976	MRT4530_128077C.2	269 - 289	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR528	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1977	MRT4530_139238C.4	2152-2172	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR528	Lacasa (difenol oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1978	MRT4530_155994C.3	247 - 267	<i>Oryza sativa</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR528	Proteína similar a VIP2; dedo de cinc de PHD	1979	MRT4530_237311C.1	632 - 652	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1980	MRT4530_275240C.1	24-44	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1981	MRT4530_68465C.5	687 - 706	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR528	Proteína similar a VIP2; dedo de cinc de PHD	1982	MRT4530_85016C.5	215-235	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1983	MRT4558_8881C.1	101 - 121	<i>Sorghum bicolor</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1984	MRT4565_204482C.1	212-231	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1985	MRT4565_219247C.1	923 - 943	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1986	MRT4565_22497C.4	806 - 826	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	Superfamilia de facilitador principal	1987	MRT4565_260315C.1	584 - 604	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1988	MRT4565_276632C.1	219-239	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	diana de miR528	1989	MRT4565_278866C.1	412-432	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1990	MRT4565_6214C.4	548 - 567	<i>Triticum aestivum</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1991	MRT4577_302078C.5	115 - 135	<i>Zea mays</i>	
diana de miR528	Lacasa (difeno oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1992	MRT4577_327865C.2	163 - 183	<i>Zea mays</i>	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miR528	Lacasa (difenoil oxidasa); Multicobre oxidasa, plantacianina	1993	MRT4577_338803C.6	189-209	<i>Zea mays</i>	
diana de miR528	diana de miR528	1994	MRT4577_574203C.1	48 - 68	<i>Zea mays</i>	
miARN	miR827	1995			<i>Zea mays</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1); ubiquitina ligasa de dominio RING	1996	MRT3702_118660C.4	258 - 278	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1); MFS_1; Superfamilia de facilitador principal	1997	MRT3702_165543C.2	253 - 273	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1); MFS_1; Superfamilia de facilitador principal	1998	MRT3702_4781 C.6	153 - 173	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1); ubiquitina ligasa de dominio RING	1999	MRT3708_29390C.1	32 - 52	<i>Brassica napus</i>	
diana de miR827	diana de miR827	2000	MRT3711_10064C.1	155 - 175	<i>Brassica rapa</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1)	2001	MRT3712_6456C.1	96-116	<i>Brassica oleracea</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1); MFS_1; Superfamilia de facilitador principal	2002	MRT4530_236774C.2	395-415	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR827	proteína que contiene dominio SPX (SYG1/Pho81/XPR1); MFS_1; Superfamilia de facilitador principal	2003	MRT4530_45193C.6	335 - 355	<i>Oryza sativa</i>	
diana de miR827	diana de miR827	2004	MRT4577_197256C.1	135 - 155	<i>Zea mays</i>	
diana de miR827	diana de miR827	2005	MRT4577_235663C.3	559 - 579	<i>Zea mays</i>	
miARN	miRCOP1_1227-1247	2006			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID Nº:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
miARN	miRCOP1_653-673	2007			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
miARN	miRCOP1_1417-1437	2008			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRCOPI	COP1 (fotomorfogénesis constitutiva 1)	2009			Zea mays	
miARN	miRGA2_945-965	2010			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRGA2	zm-GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico)	2011			Zea mays	
miARN	miRGA20_852-872	2012			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRGA20	zm-GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico)	2013			Zea mays	
miARN	miRHB2-4_700-720	2014			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRHB2-4	ZmHB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4)	2015			Zea mays	
miARN	miRHB4_84-104	2016			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRHB4	ZmHB2 (caja homeostática 4)	2017			Zea mays	
miARN	miRLG1_899-919	2018			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRLG1	LG1 (liguleless I)	2019			Zea mays	
miARN	miRMON18	2020			Glycine max	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miRMON18	SPX (SYG1, dominio PH081 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk)	2021			Zea mays	
Señuelo	señuelo de miRMON18	2022			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
precursor de miARN (sintético)	miRVIM1a	2023			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRVIM1a	VIM1a (variante en Metilación)	2024			Zea mays	
precursor de miARN (sintético)	miRDHS1	2025			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRDHS1	DHS1 (desoxihipusina sintasa)	2026			Zea mays	
precursor de miARN (sintético)	miRDHS2	2027			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRDHS2	DHS2 (desoxihipusina sintasa)	2028			Zea mays	
precursor de miARN (sintético)	miRDHS3	2029			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRDHS3	DHS3 (desoxihipusina sintasa)	2030			Zea mays	
precursor de miARN (sintético)	miRDHS4	2031			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRDHS4	DHS4 (desoxihipusina sintasa)	2032			Zea mays	
ARNpi-ta sintético	ARNpi-ta de DHS5	2033			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de ARNpi-ta de DHS5	DHS5 (desoxihipusina sintasa)	2034			Zea mays	

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
ARNpi-ta sintético	ARNpi-ta de DHS6	2035			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de ARNpi-ta de DHS6	DHS6 (desoxihipusina sintasa)	2036			Zea mays	
ARNpi-ta sintético	ARNpi-ta de DHS7	2037			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de ARNpi-ta de DHS7	DHS7 (desoxihipusina sintasa)	2038			Zea mays	
ARNpi-ta sintético	ARNpi-ta de DHS8	2039			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de ARNpi-ta de DHS8	DHS8 (desoxihipusina sintasa)	2040			Zea mays	
ARNpi-ta sintético	ARNpi-ta de DHS	2041			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de ARNpi-ta de DHS	DHS (desoxihipusina sintasa)	2042			Zea mays	
precursor de miARN (sintético)	miRCRF_804-824	2043			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRCRF	CRF (dedo ANULAR de maiz; también RNF169)	2044			Zea mays	
precursor de miARN	miRMON18	2045			Zea mays	Rendimiento mejorado*
diana de miRMON18	SPX	2046			Zea mays	
precursor de miARN (sintético)	miRZmG 1543a	2047			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
diana de miRZmG1543a	ZmG 1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de <i>Arabidopsis thaliana</i>)	2048			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN (sintético)	miRZmG1543	2049			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRZmG 1543	ZmG 1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de <i>Arabidopsis thaliana</i>)	2050			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN (sintético)	miRZmG1543b	2051			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRZmG1543b	ZmG 1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de <i>Arabidopsis thaliana</i>)	2052			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN (sintético)	miRHB2	2053			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRHB2	HB2 (caja homeostática 2)	2054			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN	Os.MIR169g	2055			<i>Oryza sativa</i>	Rendimiento mejorado*
precursor de miARN	Zm.MIR167g	2056			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
precursor de miARN (sintético)	miRGS3	2057			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miRGS3	GS3 (tamaño del grano 3)	2058			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN (sintético)	Zm_GW2_miR1	2059			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
precursor de miARN (sintético)	Zm_GW2_miR2	2060			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*

(continuación)

Tipo de construcción	Nombre	SEC ID N°:	ID del gen	Posición de nucleótido	Organismo de origen	Fundamento para transformación de la planta*
precursor de miARN (sintético)	Zm_GW2_miR3	2061			Secuencia artificial	Rendimiento mejorado*
diana de GW2_miR1/2/3	GW2 (peso del grano 2)	2062			<i>Zea mays</i>	
precursor de miARN (sintético)	miR-IPS	2063			Construcción artificial	Rendimiento mejorado*
diana de miR-IPS	Zm_2-isopropilmalato sintasa	2064			<i>Zea mays</i>	
Las plantas de cultivo particularmente preferidas son maíz, soja, canola, algodón, alfalfa, caña de azúcar, remolacha azucarera, sorgo, y arroz						

Ejemplo 5

El presente ejemplo ilustra diversos aspectos de la invención en relación a células vegetales transgénicas y plantas transgénicas. Más específicamente, este ejemplo ilustra vectores de transformación y técnicas útiles con diferentes plantas de cultivo para proporcionar células vegetales, plantas, y semillas transgénicas no naturales que tienen en su genoma cualquiera de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención transcribibles en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y unido operativamente a al menos un polinucleótido, tal como se ha desvelado en el presente documento, que incluye: (1) una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (g) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; (2) una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de al menos una diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; (g) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de al menos una diana de miARN, en el que al menos una diana de miARN es al menos una seleccionada entre el grupo que consiste en una diana de miR156, una diana de miR160, una diana de miR164, una diana de miR166, una diana de miR167, una diana de miR169, una diana de miR171, una diana de miR172, una diana de miR319, una diana de miR395, una diana de miR396, una diana de miR398, una diana de miR399, una diana de miR408, una diana de miR444, una diana de miR528, una diana de miR167g, una diana de miR169g, COP1 (fotomorfogénesis I constitutivo), GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico), GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico), HB2 (caja homeostática 2), HB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4), HB4 (caja homeostática 4), LG1 (liguleless 1), SPX (SYG1, dominio PHO81 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk), VIM1a (variante en metilación 1a), DHS1 (desoxihipusina sintasa), DHS2 (desoxihipusina sintasa), DHS3 (desoxihipusina sintasa), DHS4 (desoxihipusina sintasa), DHS5 (desoxihipusina sintasa), DHS6 (desoxihipusina sintasa), DHS7 (desoxihipusina sintasa), DHS8 (desoxihipusina sintasa), CRF (dedo ANULAR de maíz; RNF169), G1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), G1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), GS3 (tamaño del grano 3), y GW2 (peso del grano 2); (3) una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre el grupo que consiste en ADN que codifica una secuencia de nucleótido seleccionada entre las **SEC ID N°: 1120, 1121, 1122, 1248, 1257, 1313, 1314, 1364, 1387, 1478, 1489, 1490, 1491, 1492, 1493, 1585, 1597, 1598, 1599, 1713, 1752, 1753, 1801, 1802, 1820, 1927, 1929, 1931, 1971, 2006, 2007, 2008, 2010, 2012, 2014, 2016, 2018, 2022, 2023, 2025, 2027, 2029, 2031, 2033, 2035, 2037, 2039, 2041, 2043, 2045, 2047, 2049, 2051, 2053, 2055, 2056, 2057, 2059, 2060, 2061, y 2063**; (4) una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, que incluye un promotor funcional en la célula vegetal transgénica no natural y unido operativamente a al menos un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**; y (5) una construcción de ADN recombinante que puede transcribirse en una célula vegetal, que incluye un promotor funcional en la célula vegetal transgénica no natural y unido operativamente a al menos un polinucleótido que incluye una secuencia de ADN seleccionada entre las **SEC ID N°: 15 - 2064**). Es evidente que el polinucleótido que se va a expresar usando estos vectores de ADN recombinante en las células vegetales, plantas y semillas transgénicas no naturales pueden codificar un transcrito que previene o reduce la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3** (incluyendo las dianas de

miARN específicas identificadas por su nombre en este párrafo), o un transcrito que suprime la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3** (incluyendo las dianas de miARN específicas identificadas por su nombre en este párrafo), o un transcrito que codifica al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, o codifica una secuencia de ADN seleccionada entre las **SEC ID N°: 15 - 2064**.

5 Vectores de transformación y protocolos

Las siguientes secciones describen ejemplos de un vector base para preparar vectores de transformación que incluyen construcciones de ADN de la presente invención para la transformación de una planta de cultivo específica. Las construcciones de ADN recombinante pueden transcribirse en una célula vegetal e incluyen un promotor que es funcional en la célula vegetal y unido operativamente a al menos un polinucleótido, que codifica un transcrito que previene o reduce la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3** (que incluyen las dianas de miARN específicas identificadas por su nombre en este párrafo), o un transcrito que suprime la expresión de al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3** (incluyendo las dianas de miARN específicas identificadas por su nombre en este párrafo), o un transcrito que codifica al menos una diana de miARN identificada en las **tablas 2 o 3**, o codifica una secuencia de ADN seleccionada entre las **SEC ID N°: 15 - 2064**. También se proporcionan ejemplos detallados de protocolos de transformación específicos de cultivos para usar estos vectores que incluyen construcciones de ADN recombinante de la presente invención para generar una célula vegetal transgénica no natural, tejido vegetal transgénico no natural, o planta transgénica no natural. Las técnicas de transformación adicionales son conocidas para un experto habitual en la materia, tal como se reflejan en el "Compendium of Transgenic Crop Plants", editado por Chittaranjan Kole y Timothy C. Hall, Blackwell Publishing Ltd., 2008; ISBN 978-1-405-16924-0 (disponible electrónicamente en mrw.interscience.wiley.com/emrw/9781405181099/hpt/toc). Dichos procedimientos de transformación son útiles para producir una célula vegetal transgénica no natural que tiene un núcleo transformado. Las plantas, semillas y pólenes transgénicos no naturales se producen posteriormente a partir de dicha célula vegetal transgénica no natural que tiene un núcleo transformado, y se exploran respecto de un rasgo mejorado (por ejemplo, rendimiento aumentado, eficacia mejorada del uso de agua, tolerancia al frío mejorada, eficacia mejorada del uso de nitrógeno o fosfato, proteínas de la semilla mejoradas, o aceite de semilla mejorado, o cualquier rasgo tales como aquellos desvelados en el encabezado "Producción y uso de células vegetales transgénicas y plantas transgénicas").

Transformación de maíz

Se usó un vector base pMON93039 (**SEC ID N°: 2065**), ilustrado en la **tabla 4** y en la figura 2 para preparar construcciones de ADN recombinantes para la transformación de células de maíz mediada por *Agrobacterium*. Se construyó un vector de transformación para expresar cada una de las construcciones de ADN de la presente invención insertando un polinucleótido de la presente invención en el vector base pMON93039 (**SEC ID N°: 2065**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción, es decir, entre el elemento de intrón (coordenadas 1287-1766) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 1838-2780). Por ejemplo, se prepara un vector de transformación para la expresión de un bloqueador de la escisión de miR399 insertando el ADN de la **SEC ID N°: 1802** (véase la **tabla 3**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción entre el elemento de intrón (coordenadas 1287-1766) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 1838-2780) de pMON93039 (**SEC ID N°: 2065**).

Para la transformación de células embrionarias de maíz mediada por *Agrobacterium*, se cultivan plantas de maíz de una línea transformable en el invernadero y se cosechan las mazorcas cuando los embriones tienen de 1,5 a 2,0 mm de longitud. Las mazorcas se esterilizan superficialmente rociando o empapando las mazorcas en etanol al 80%, seguido de secado al aire. Los embriones inmaduros se aíslan a partir de los granos individuales de las mazorcas esterilizadas. Antes de la inoculación de las células de maíz, se cultivan durante toda una noche a temperatura ambiente los cultivos de *Agrobacterium* que contienen cada uno un vector de transformación para expresar cada una de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención. Las células embrionarias de maíz inmaduras se inoculan con *Agrobacterium* después de la escisión, se incuban a temperatura ambiente con *Agrobacterium* durante 5 a 20 minutos, y después se cultivan conjuntamente con *Agrobacterium* durante 1 a 3 días a 23 grados Celsius en la oscuridad. Los embriones cultivados conjuntamente se transfieren a un medio de selección y se cultivan durante aproximadamente dos semanas para permitir que se desarrolle el callo embriogénico. El callo embriogénico se transfiere a un medio de cultivo que contiene 100 mg/ml de paromomicina y se subcultivan a intervalos de aproximadamente dos semanas. Se recuperan múltiples eventos de células vegetales transformadas tras 6 a 8 semanas después de iniciar la selección.

Las plantas de maíz transgénicas se regeneran a partir de callos de células vegetales transgénicas para cada uno de los múltiples sucesos de transformación resultantes de la transformación y selección. Los callos de células vegetales transgénicas de cada suceso se colocan en un medio para iniciar el desarrollo de tallos y raíces en plántulas que se transfieren a suelo de siembra para el crecimiento inicial en una cámara de cultivo a 26 grados Celsius, seguido de crecimiento en un banco de nebulización antes de trasplantarlos a macetas donde las plantas se cultivan hasta la madurez. Las plantas regeneradas se autofertilizan. Se recoge la simiente de primera generación ("R1"). La semilla o las plantas cultivadas a partir de la semilla se usa para seleccionar semillas, plántulas, plantas transgénicas de segunda generación ("R2") descendientes, o híbridos, por ejemplo, seleccionando plantas transgénicas que muestran un rasgo potenciado en comparación con una planta de control (una planta que carece

de expresión de la construcción de ADN recombinante).

5 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de maíz transgénicas que se transforman con construcciones de ADN recombinante separadas de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de maíz, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal de maíz y que está unido operativamente a cada polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

20 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de maíz transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de maíz, incluyendo un promotor que es funcional en la célula vegetal de maíz y que está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de la diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de la diana de miARN; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN, en el que se elaboran construcciones separadas para cada una de las dianas de miARN enumeradas en la **tabla 5**.

40 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de maíz transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de maíz, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de maíz y que está unido operativamente a cada polinucleótido proporcionado en la **tabla 6**, en el que se producen construcciones separadas para cada polinucleótido.

45 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de maíz transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de maíz, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

50 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de maíz transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de maíz, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a cada polinucleótido de las **SEC ID N°: 15 - 2064**.

55 Las plantas de maíz transgénicas regeneradas, o las plantas de maíz transgénicas descendientes o semillas de maíz, producidas a partir de las plantas de maíz transgénicas regeneradas, se exploran respecto de un rasgo mejorado (por ejemplo, rendimiento aumentado), en comparación con una planta o semilla de control (una planta o semilla que carezca de expresión de la construcción de ADN recombinante). A partir de cada grupo de múltiples sucesos de plantas de maíz transgénicas con una construcción recombinante específica de la presente invención, el suceso que produce el rasgo más potenciado (por ejemplo, mayor potenciamiento del rendimiento) se identifica y se selecciona la semilla de maíz transgénica descendiente para desarrollo comercial.

Tabla 4

Función	Nombre	Anotación	Coordenadas de SEC ID N°: 2065
Transferencia de ADN-T de <i>Agrobacterium</i>	borde de B-AGRtu.derecho	Secuencia de borde derecho de Agro, esencial para la transferencia de ADN-T.	11364-11720
Casete de expresión de gen de interés	E-Os.Act1	Región promotora cadena arriba del gen de actina 1 de arroz	19-775
	E-CaMV.35S.2xA1-B3	Dominio duplicado A1-B3 35S sin caja de TATA	788-1120
	P-Os.Act1	Región promotora del gen de actina 1 de arroz	1125-1204
	L-Ta.Lhcbl	Líder 5' no traducido de la proteína principal de unión a clorofila a/b	1210-1270
	I-Os.Act1	Secuencias del primer intrón y UTR flanqueante del gen de actina 1 de arroz	1287-1766
	T-St.Pis4	Región 3' no traducida del gen inhibidor II de proteinasa de la patata que funciona para dirigir la poliadenilación del ARNm	1838-2780
Casete de expresión de marcador de selección en plantas	P-Os.Act1	Promotor del gen de actina 1 de arroz	2830-3670
	L-Os.Act1	Primer exón del gen de actina 1 de arroz	3671-3750
	I-Os.Act1	Secuencias del primer intrón y UTR flanqueante del gen de actina 1 de arroz	3751-4228
	TS-At.ShkG-CTP2	Región de péptido transitoria de EPSPS de <i>Arabidopsis</i>	4238-4465
	CR-AGRtu.aroA-CP4.nat	Región codificante para el gen aroA nativo de la cepa bacteriana CP4.	4466-5833
	T-AGRtu.nos	Una región 3' no traducida del gen de nopalina sintasa de plásmido Ti de <i>Agrobacterium tumefaciens</i> que funciona para dirigir la poliadenilación del ARNm.	5849-6101
Transferencia de ADN-T de <i>Agrobacterium</i>	Borde B-AGRtu.izquierdo	Secuencia de borde izquierdo de Agro, esencial para la transferencia de ADN-T.	6168-6609
Mantenimiento en <i>E. coli</i>	OR-Ec.oriV-RK2	El origen de replicación vegetativa del plásmido RK2.	6696-7092
	CR-Ec.rop	Región codificante para el represor del cebador del plásmido ColE1. La expresión de este producto génico interfiere con la unión del cebador en el origen de replicación, manteniendo un bajo número de copias del plásmido.	8601-8792
	OR-Ec.ori-ColE1	El origen de replicación mínimo del plásmido ColE1 de <i>E. coli</i> .	9220-9808
	P-Ec.aadA-SPC/STR	Promotor para adenililtransferasa Tn7 (AAD(3"))	10339-10380
	CR-Ec.aadA-SPC/STR	Región codificante para Tn7 adenililtransferasa (AAD(3")) que confiere resistencia a espectinomicina y estreptomycinina.	10381-11169
	T-Ec.aadA-SPC/STR	3' UTR del gen Tn7 adenililtransferasa (AAD(3")) de <i>E. coli</i> .	11170-11227

Tabla 5: dianas de miARN

una diana de miR156, una diana de miR160, una diana de miR164, una diana de miR166, una diana de miR167, una diana de miR169, una diana de miR171, una diana de miR172, una diana de miR319, una diana de miR395, una diana de miR396, una diana de miR398, una diana de miR399, una diana de miR408, una diana de miR444, una diana de miR528, una diana de miR167g, una diana de miR169g, COP1 (fotomorfogénesis 1 constitutivo), GA2ox (oxidasa del ácido 2 giberélico), GA20ox (oxidasa del ácido 20 giberélico), HB2 (caja homeostática 2), HB2-4 (caja homeostática 2 y caja homeostática 4), HB4 (caja homeostática 4), LG1 (liguleless 1), SPX (SYG1, dominio PHO81 y XPR1; PFAM entrada PF03105 en www.sanger.ac.uk), VIM1a (variante en metilación 1a), DHS1 (desoxihipusina sintasa), DHS2 (desoxihipusina sintasa), DHS3 (desoxihipusina sintasa), DHS4 (desoxihipusina sintasa), DHS5 (desoxihipusina sintasa), DHS6 (desoxihipusina sintasa), DHS7 (desoxihipusina sintasa), DHS8 (desoxihipusina sintasa), CRF (dedo ANULAR de maíz; RNF169), G1543a (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), G1543b (ortólogo de maíz de la caja homeostática 17 de *Arabidopsis thaliana*), GS3 (tamaño del grano 3), y GW2 (peso del grano 2)

Tabla 6: Polinucleótidos expresados por construcciones de la presente invención

SEC ID N°: 1120, 1121, 1122, 1248, 1257, 1313, 1314, 1364, 1387, 1478, 1489, 1490, 1491, 1492, 1493, 1585, 1597, 1598, 1599, 1713, 1752, 1753, 1801, 1802, 1820, 1927, 1929, 1931, 1971, 2006, 2007, 2008, 2010, 2012, 2014, 2016, 2018, 2022, 2023, 2025, 2027, 2029, 2031, 2033, 2035, 2037, 2039, 2041, 2043, 2045, 2047, 2049, 2051, 2053, 2055, 2056, 2057, 2059, 2060, 2061, y 2063.

Transformación de soja

- 5 Se usó un vector base pMON82053 (**SEC ID N°: 2066**), ilustrado en la **tabla 7** y en la figura 3 para preparar construcciones de ADN recombinantes de la presente invención para la transformación en células o tejido de soja mediada por *Agrobacterium*. Para construir un vector de transformación para expresar cualquiera de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención, se insertan nucleótidos que codifican el al menos un polinucleótido en el vector base pMON82053 (**SEC ID N°: 2066**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción, es decir, entre el elemento promotor (coordenadas 1-613) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 688-1002). Por ejemplo, se prepara un vector de transformación para la expresión de un bloqueador de la escisión de miR399 insertando el ADN de la **SEC ID N°: 1802** (véase la **tabla 3**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción entre el elemento promotor (coordenadas 1-613) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 688-1002) de pMON82053 (**SEC ID N°: 2066**).
- 15 Para la transformación mediada por *Agrobacterium*, se embeben semillas de soja durante toda la noche y se escindieron y colocaron los explantes de meristemo en un vaso para heridas. Los cultivos de células de *Agrobacterium* inducidos que contenían cada uno un vector de transformación para expresar cada una de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención se mezclan con explantes preparados. Los explantes inoculados se hieren usando sonicación, se colocan en co-cultivo durante 2-5 días, y se transfieren a medio de selección durante 6-8 semanas para permitir la selección y crecimiento de brotes transgénicos. Los brotes resistentes se cosechan aproximadamente a las 6-8 semanas y se colocan en medio de brotado selectivo durante 2-3 semanas. Los brotes que producen raíces se transfieren al invernadero y se siembran en suelo.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de soja transgénicas que se transforman con construcciones de ADN recombinante separadas de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de soja, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de soja y que está unido operativamente a cada polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de soja transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de soja, que incluye un promotor que es funcional en

- la célula vegetal de soja y que está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de la diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de la diana de miARN; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN, en el que se elaboran construcciones separadas para cada una de las dianas de miARN enumeradas en la **tabla 5**.
- 15 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de soja transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de soja, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de soja y que está unido operativamente a cada polinucleótido proporcionado en la **tabla 6**, en el que se producen construcciones separadas para cada polinucleótido.
- 20 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de soja transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de soja, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.
- 25 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de soja transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de soja, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a cada polinucleótido de las **SEC ID N°: 15 - 2064**.
- 30 Las plantas de soja transgénicas regeneradas, o las plantas de soja transgénicas descendientes o semillas de soja, producidas a partir de las plantas de soja transgénicas regeneradas, se exploran respecto de un rasgo mejorado (por ejemplo, rendimiento aumentado), en comparación con una planta o semilla de control (una planta o semilla que carezca de expresión de la construcción de ADN recombinante). A partir de cada grupo de múltiples sucesos de plantas de soja transgénicas con una construcción recombinante específica de la presente invención, el suceso que produce el rasgo más potenciado (por ejemplo, mayor potenciamiento del rendimiento) se identifica y se selecciona la semilla de soja transgénica descendiente para desarrollo comercial.

Transformación de colza

- Se usó un vector base pMON82053 (**SEC ID N°: 2066**), ilustrado en la **tabla 7** y en la **figura 3** para preparar construcciones de ADN recombinantes de la presente invención para la transformación en células o tejido de colza mediada por *Agrobacterium*. Para construir un vector de transformación para expresar cualquiera de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención, se insertan nucleótidos que codifican el al menos un polinucleótido en el vector base pMON82053 (**SEC ID N°: 2066**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción, es decir, entre el elemento promotor (coordenadas 1-613) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 688-1002). Por ejemplo, se prepara un vector de transformación para la expresión de un bloqueador de la escisión de miR399 insertando el ADN de la **SEC ID N°: 1802** (véase la **tabla 3**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción entre el elemento promotor (coordenadas 1-613) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 688-1002) de pMON82053 (**SEC ID N°: 2066**).

- Se usan cultivos de toda una noche de células de *Agrobacterium* que contienen cada uno un vector de transformación para expresar cada una de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención para inocular tejidos a partir de plántulas de colza cultivadas *in vitro*. Después del cultivo conjunto con *Agrobacterium*, los tejidos infectados se cultivan en selección para promover el crecimiento de brotes transgénicos, seguido del crecimiento de raíces a partir de los brotes transgénicos, siembra de las plántulas seleccionadas en suelo, y transferencia de las plantas sembradas al invernadero. La caracterización molecular se lleva a cabo para confirmar la presencia de una construcción de ADN recombinante de la presente invención y su expresión en plantas transgénicas.

- 55 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de colza transgénicas que se transforman con construcciones de ADN recombinante separadas de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de colza, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de colza y que está unido operativamente a cada polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de

5 cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (g) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

15 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de colza transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de colza, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de colza y que está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de la diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de la diana de miARN; (g) ADN que codifica ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN, en el que se elaboran construcciones separadas para cada una de las dianas de miARN enumeradas en la **tabla 5**.

35 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de colza transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de colza, que incluye un promotor que es funcional en la planta de colza y que está unido operativamente a cada polinucleótido proporcionado en la **tabla 6**, en el que se producen construcciones separadas para cada polinucleótido.

40 El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de colza transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de colza, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de colza transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de colza, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a cada polinucleótido de las **SEC ID N°: 15 - 2064**.

45 Las plantas de colza transgénicas regeneradas, o las plantas de colza transgénicas descendientes o semillas de colza, producidas a partir de las plantas de colza transgénicas regeneradas, se exploran respecto de un rasgo mejorado (por ejemplo, rendimiento aumentado), en comparación con una planta o semilla de control (una planta o semilla que carezca de expresión de la construcción de ADN recombinante). A partir de cada grupo de múltiples sucesos de plantas de colza transgénicas con una construcción recombinante específica de la presente invención, el suceso que produce el rasgo más potenciado (por ejemplo, mayor potenciamiento del rendimiento) se identifica y se selecciona la semilla de colza transgénica descendiente para desarrollo comercial.

Transformación de algodón

55 Se usó un vector base pMON99053 (**SEC ID N°: 2067**), ilustrado en la **tabla 8** y en la figura 4 para preparar construcciones de ADN recombinantes de la presente invención para la transformación en células o tejido de maíz mediada por *Agrobacterium*. Para construir un vector de transformación para expresar cualquiera de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención, se insertan nucleótidos que codifican el al menos un polinucleótido en el vector base pMON99053 (**SEC ID N°: 2067**) en el casete de expresión del gen de interés en un sitio de inserción, es decir, entre el elemento promotor (coordenadas 388-1091) y el elemento de poliadenilación (coordenadas 1165-1791).

Los procedimientos para la transformación del algodón se conocen en la técnica, véase, por ejemplo, las técnicas descritas en las Publicaciones de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2004/0087030A1, 2008/0256667A1, 2008/0280361 A1, y 2009/0138985A1. En un ejemplo de un protocolo de transformación de algodón, se esterilizan superficialmente semillas de genotipos de algodón transformables (por ejemplo, si néctar, DP393, OOSO4, 07W610F, STN474, Delta Pearl, DP5415, SureGrow501, o SureGrow747), se enjuagan, y se hidratan en medio CSM (que contiene carbenicilina, cefotaxima, BRAVO, y Captan 50) durante 14 a 42 horas en la oscuridad. Los explantes meristemáticos se procesan a partir de semillas tal como se describe en la Publicación de Solicitud de Patente de Estados Unidos 2008/0256667A1. Los cultivos de células de *Agrobacterium* que contenían cada uno un vector de transformación para expresar cada una de las construcciones de ADN recombinante de la presente invención se usan para inocular los explantes usando sonicación. El inóculo se retira y los explantes inoculados se transfieren a medio INO y se incuban durante 2 a 5 días usando un fotoperiodo de 16 horas de luz. Después del cultivo conjunto, los explantes se transfieren a medio de selección semisólido (medio Lloyd & McCown Para plantas leñosas modificado suplementado con 200 mg/l de cefotaxima, 200 mg/l de carbenicilina y 100-200 mg/l de estreptomycinina) con o sin reguladores del crecimiento de plantas y otros aditivos para promover la formación y crecimiento de múltiples brotes. Los explantes se cultivan en un fotoperiodo de 16 horas de luz. Después de 4 a 6 semanas en el medio de selección se transfieren aquellos explantes que han desarrollado brotes verdes a tapones y se colocan en medio líquido que contiene 0,25mg/l de IBA para el crecimiento de brotes y enraizamiento en cúpulas de plástico durante 3 a 4 semanas. Los tejidos se ensayan respecto de la caracterización molecular mediante uno o más procedimientos de ensayo molecular (por ejemplo, PCR, o transferencias de Southern).

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de algodón transgénicas que se transforman con construcciones de ADN recombinante separadas de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de algodón, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de algodón y que está unido operativamente a cada polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de algodón transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de algodón, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de algodón y que está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de la diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de la diana de miARN; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN, en el que se elaboran construcciones separadas para cada una de las dianas de miARN enumeradas en la **tabla 5**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de algodón transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de algodón, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de algodón y que está unido operativamente a cada polinucleótido proporcionado en la **tabla 6**, en el que se producen construcciones separadas para cada polinucleótido.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de algodón transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de algodón, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica

cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de algodón transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de algodón, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a cada polinucleótido de las **SEC ID N°: 15 - 2064**.

Las plantas de algodón transgénicas regeneradas, o las plantas de algodón transgénicas descendientes o semillas de algodón, producidas a partir de las plantas de algodón transgénicas regeneradas, se exploran respecto de un rasgo mejorado (por ejemplo, rendimiento aumentado), en comparación con una planta o semilla de control (una planta o semilla que carezca de expresión de la construcción de ADN recombinante). A partir de cada grupo de múltiples sucesos de plantas de algodón transgénicas con una construcción recombinante específica de la presente invención, el suceso que produce el rasgo más potenciado (por ejemplo, mayor potenciamiento del rendimiento) se identifica y se selecciona la semilla de algodón transgénica descendiente para desarrollo comercial.

Tabla 7

Función	Nombre	Anotación	Coordenadas de SEC ID N°: 2066
Transferencia de ADN-T de <i>Agrobacterium</i>	Borde B-AGRtu.izquierdo	Secuencia de borde izquierdo de Agro, esencial para la transferencia de ADN-T.	6144-6585
Casete de expresión de marcador de selección en plantas	P-At.Act7	Promotor del gen de actina 7 de <i>Arabidopsis</i>	6624-7861
	L-At.Act7	5'UTR del gen Act7 de <i>Arabidopsis</i>	
	I-At.Act7	Intrón del gen actina 7 de <i>Arabidopsis</i>	7864-8091
	TS-At.ShkG-CTP2	Región de péptido transitoria de EPSPS de <i>Arabidopsis</i>	
	CR-AGRtu.aroA- CP4.nno At	Región codificante de CP4 sintética con uso de codones preferido para dicotiledóneas.	
T-AGRtu.nos	Una región 3' no traducida del gen de nopalina sintasa de plásmido Ti de <i>Agrobacterium tumefaciens</i> que funciona para dirigir la poliadenilación del ARNm.	9466-9718	
Casete de expresión de gen de interés	P-CaMV.35S-enh	Promotor para ARN 35S de CaMV que contiene un duplicado de la región -90 a -350.	1-613
	T-Gb.E6-3b	Región 3' no traducida del gen E6 de la proteína de fibra del algodón de la isla.	688-1002
Transferencia de ADN-T de <i>Agrobacterium</i>	borde de B-AGRtu.derecho	Secuencia de borde derecho de Agro, esencial para la transferencia de ADN-T.	1033-1389
Mantenimiento en <i>E. coli</i>	OR-Ec.oriV-RK2	El origen de replicación vegetativa del plásmido RK2.	5661-6057
	CR-Ec.rop	Región codificante para el represor del cebador del plásmido ColEI. La expresión de este producto génico interfiere con la unión del cebador en el origen de replicación, manteniendo un bajo número de copias del plásmido.	3961-4152
	OR-Ec.ori-ColEI	El origen de replicación mínimo del plásmido ColEI de <i>E. coli</i> .	2945-3533
	P-Ec.aadA-SPC/STR	Promotor para adenililtransferasa Tn7 (AAD(3"))	2373-2414
	CR-Ec.aadA-SPC/STR	Región codificante para Tn7 adenililtransferasa (AAD(3")) que confiere resistencia a espectinomicina y estreptomomicina.	1584-2372
	T-Ec.aadA-SPC/STR	3' UTR del gen Tn7 adenililtransferasa (AAD(3")) de <i>E. coli</i> .	1526-1583

Tabla 8

Función	Nombre	Anotación	Coordenadas de SEC ID N°: 2067
Transferencia de ADN-T de <i>Agrobacterium</i>	borde de B-AGRtu.derecho	Secuencia de borde derecho de Agro, esencial para la transferencia de ADN-T.	1-357

(continuación)

Función	Nombre	Anotación	Coordenadas de SEC ID N°: 2067
Casete de expresión de gen de interés	Exp-CaMV.35S-enh+Ph.DnaK	Versión mejorada del promotor de ARN 35S de CaMV más la región 5' no traducida de hsp70 de petunia	388-1091
	T-Ps.RbcS2-E9	La región 3' no traducida del gen RbcS2 de guisante que funciona para dirigir la poliadenilación del ARNm.	1165 - 1797
Expresión de marcador de selección en plantas casete	Exp-CaMV.35S	Promotor y región 5' no traducida del ARN 35S de CaMV	1828-2151
	CR-Ec.nptII-Tn5	Región codificante para el gen neomicina fosfotransferasa del transposón Tn5 que confiere resistencia a la neomicina y kanamicina.	2185-2979
	T-AGRtu.nos	Una región 3' no traducida del gen de nopalina sintasa de plásmido Ti de <i>Agrobacterium tumefaciens</i> que funciona para dirigir la poliadenilación del ARNm.	3011-3263
Transferencia de ADN-T de <i>Agrobacterium</i>	Borde B-AGRtu.izquierdo	Secuencia de borde izquierdo de Agro, esencial para la transferencia de ADN-T.	3309-3750
Mantenimiento en <i>E. coli</i>	OR-Ec.oriV-RK2	El origen de replicación vegetativa del plásmido RK2.	3837-4233
	CR-Ec.rop	Región codificante para el represor del cebador del plásmido ColE1. La expresión de este producto génico interfiere con la unión del cebador en el origen de replicación, manteniendo un bajo número de copias del plásmido.	5742-5933
	OR-Ec.ori-ColE1	El origen de replicación mínimo del plásmido ColE1 de <i>E. coli</i> .	6361-6949
	P-Ec.aadA-SPC/STR	Promotor para adenililtransferasa Tn7 (AAD(3"))	7480-7521
	CR-Ec.aadA-SPC/STR	Región codificante para Tn7 adenililtransferasa (AAD(3")) que confiere resistencia a espectinomicina y estreptomycin.	7522-8310
	T-Ec.aadA-SPC/STR	3' UTR del gen Tn7 adenililtransferasa (AAD(3")) de <i>E. coli</i> .	8311-8368

Transformación de caña de azúcar

Las técnicas de transformación de caña de azúcar se conocen en la técnica; véase, por ejemplo, los procedimientos descritos para la caña de azúcar de Brumley y col. en "Sugarcane" (disponible electrónicamente en mrw.interscience.wiley.com/em-rw/9781405181099/hpt/article/k0701/current/pdf), publicado en: "Compendium of Transgenic Crop Plants", editado por Chittaranjan Kole y Timothy C. Hall, Blackwell Publishing Ltd., 2008; ISBN 978-1-405-16924-0 (disponible electrónicamente en mrw.interscience.wiley.com/emr/9781405181099/hpt/toc), y en las Publicaciones de Solicitud de Patente Internacionales PCT WO2007/003023 (caña de azúcar) y WO2008/049183 (caña de azúcar). En un ejemplo de transformación de caña de azúcar (véase el ejemplo 3 de la Publicación de Solicitud de Patente Internacional PCT WO2007/003023A2), se establecen cultivos de callo de caña de azúcar embrionarios a partir de meristemo y hojas primordiales de caña de azúcar (híbrido de *Saccharum spp.*). Se bombardean conjuntamente callos de ocho semanas con una mezcla equimolar de casetes de expresión UBI-1::Bar::NOSpolyA and UBI-1::Oas::NOSpolyA o UBI-1::Bar::NOSpolyA y UBI-1::CPs::NOSpolyA (10 pg DNA/3/mg partícula) mediante bombardeo de partículas tal como se ha descrito anteriormente (Sanford (1990) Plant Physiol., 79:206-209). Después del bombardeo, los callos se transfieren a medio MS que contiene 1 mg/l de PPT y 1 mg/l de BAP para promover la regeneración de brotes e inhibir el desarrollo de tejido no transgénico. Dos semanas después, los callos se transfieren a medio MS que contiene 1 mg/l de PPT y 1 mg/l de Affi para la elongación de los brotes y para inducir la formación de raíces. Después de dos semanas, las plántulas se colocan en cajas magenta para su aclimatación y 2 semanas después, los brotes (10-15 cm) con raíces bien desarrolladas se transfieren a suelo de siembra y se colocan en el invernadero.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de caña de azúcar transgénicas que se transforman con construcciones de ADN recombinante separadas de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de caña de azúcar, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de caña de azúcar y que está unido operativamente a cada polinucleótido seleccionado entre: (a) ADN que codifica un bloqueador de la escisión para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del

transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de caña de azúcar transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de caña de azúcar, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de caña de azúcar y que está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre: (a) un ADN que codifica un bloqueador de la escisión para evitar o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (b) ADN que codifica un bloqueador de la escisión modificado en 5' para prevenir o disminuir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (c) ADN que codifica un inhibidor traduccional para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (d) ADN que codifica un señuelo para prevenir o reducir la escisión mediada por ARN pequeño del transcrito de la diana de miARN; (e) ADN que codifica un transgén que no responde a miARN que tiene una secuencia de nucleótidos procedente de la secuencia de nucleótidos nativa de la diana de miARN, en el que un sitio de reconocimiento de miARN en la secuencia de nucleótidos nativa se elimina o modifica de otro modo para evitar la escisión mediada por miARN; (f) ADN que codifica un precursor de miARN que se procesa en un miARN para suprimir la expresión de la diana de miARN; (g) ADN que codifica un ARN bicatenario que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN; y (h) ADN que codifica un ARNpi-ta que se procesa en ARNpi para suprimir la expresión de la diana de miARN, en el que se elaboran construcciones separadas para cada una de las dianas de miARN enumeradas en la **tabla 5**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de caña de azúcar transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de caña de azúcar, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal de caña de azúcar y que está unido operativamente a cada polinucleótido proporcionado en la **tabla 6**, en el que se producen construcciones separadas para cada polinucleótido.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de caña de azúcar transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de caña de azúcar, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y está unido operativamente a un polinucleótido seleccionado entre ADN que codifica cada diana de miARN identificada en las **tablas 2 y 3**.

El procedimiento anterior se repite para producir múltiples eventos de células vegetales de caña de azúcar transgénicas que se transforman con cada una de las siguientes construcciones de ADN recombinante de la presente invención, es decir, una construcción que puede transcribirse en una célula vegetal de caña de azúcar, que incluye un promotor que es funcional en la célula vegetal y que está unido operativamente a cada polinucleótido de las **SEC ID N°: 15 - 2064**.

Las plantas de caña de azúcar transgénicas regeneradas, o las plantas de caña de azúcar transgénicas descendientes o semillas de caña de azúcar, producidas a partir de las plantas de caña de azúcar transgénicas regeneradas, se exploran respecto de un rasgo mejorado (por ejemplo, rendimiento aumentado), en comparación con una planta o semilla de control (una planta o semilla que carezca de expresión de la construcción de ADN recombinante). A partir de cada grupo de múltiples sucesos de plantas de caña de azúcar transgénicas con una construcción recombinante específica de la presente invención, el suceso que produce el rasgo más potenciado (por ejemplo, mayor potenciamiento del rendimiento) se identifica y se selecciona la semilla de caña de azúcar transgénica descendiente para desarrollo comercial.

Un señuelo de miARN compite con el gen diana endógeno por la unión a ese miARN particular y por lo tanto reduce el efecto del miARN en la red o redes bioquímicas que implican al miARN. Los señuelos incluyen secuencias señuelo de miARN endógenas (nativas), señuelos creados mediante manipulación de una secuencia endógena (por ejemplo, mediante mutagénesis química u otros o recombinación de sitio dirigido), y secuencias señuelo de miARN sintéticas. Puede diseñarse una construcción de ADN recombinante para expresar múltiples señuelos de miARN. Las ventajas de una estrategia de señuelo de miARN incluyen el hecho de que no se expresa proteína, y debido a que los miARN a menudo pertenecen a múltiples familias de genes (en las que cada gen de miARN produce un transcrito primario de miARN único) un solo señuelo de miARN es útil para unirse a un miARN maduro que procede de más de un gen o transcrito primario de miARN.

Sin embargo, en ocasiones se prefiere una alternativa al señuelo de miARN, ya que es posible que un señuelo de miARN que se une a miARN maduros de más de un gen de miARN se una de manera no intencionada afectando la expresión de un gen no diana. Los presentes solicitantes han desvelado en el presente documento nuevas estrategias para manipular una ruta mediada por miARN interfiriendo con la unión del miARN maduro a su diana.

5 Estas estrategias implican generalmente la expresión y el procesamiento *in vivo* (por ejemplo, en una planta) de una construcción de ADN recombinante, y son especialmente útiles para regular la expresión de un solo gen diana (o, cuando se desee, múltiples genes diana), y en la manipulación de la expresión génica en plantas transgénicas, dando como resultado fenotipos mejorados, tales como un rendimiento aumentado o tolerancia al estrés biótico o abiótico.

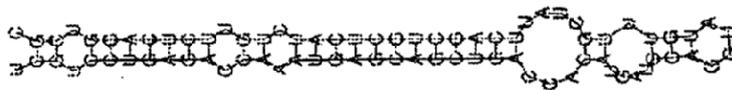
10 Una estrategia es mediante el uso de un "bloqueador de la escisión" o de un "bloqueador de la escisión modificada en 5'" que se expresa de manera transgénica en una célula eucariota y que se une a un sitio de reconocimiento de miARN del transcrito de un gen diana de un modo que no da lugar a la escisión, previniendo o reduciendo de este modo la escisión mediada por miARN del transcrito compitiendo con el miARN por la unión al sitio de reconocimiento. Este procedimiento controla la velocidad de supresión postraducciona de genes diana de miARN
15 protegiéndolos de la escisión por el complejo miARN-Ago, y reduce o evita la regulación negativa del gen diana de miARN.

Otra estrategia es mediante el uso de un "inhibidor traduccional" que se expresa de manera transgénica en una célula eucariota y que se une a e inhibe la traducción del transcrito del gen diana, reduciendo de este modo la expresión del gen diana. La secuencia de nucleótidos del inhibidor traduccional se diseña para que el segmento
20 hibridado formado entre el inhibidor traduccional y el transcrito del gen diana confiere resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III al transcrito dentro o en las proximidades del segmento hibridado. Los inhibidores traduccionales proporcionan las ventajas de reducir la probabilidad de formación de ARN pequeños transitorios (tal como puede suceder en la degradación mediada por miARN de un gen diana), y la consecución de una regulación más controlada de la supresión de la diana debido a que el inhibidor traduccional permanece asociado al transcrito del gen diana (a diferencia de los miARN, que se disocian del transcrito escindido y pueden unirse a otra molécula de transcrito). Los inhibidores traduccionales pueden estar basados en secuencias seleccionadas entre cualquier
25 ARN pequeño asociado con un complejo de silenciamiento, tal como RISC o una proteína Argonauta o similar a Argonauta.

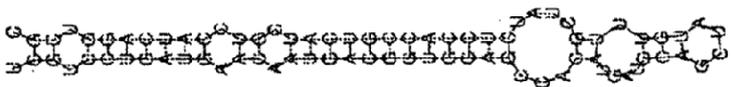
REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento para aumentar la expresión de un gen diana en una célula vegetal, que comprende expresar en dicha célula vegetal una construcción de ADN recombinante que comprende ADN que se expresa en una célula vegetal transgénica y se somete a procesamiento en un ARN que comprende ARN monocatenario que se une al transcrito de al menos un gen diana en dicha célula vegetal transgénica para formar un segmento hibridado de ARN al menos parcialmente bicatenario que confiere a dicho transcrito resistencia a la escisión por una ribonucleasa RNasa III dentro o en las proximidades del segmento hibridado, en el que dicha unión es en un sitio de reconocimiento de miARN en dicho transcrito, sucediendo dicha escisión de dicho transcrito en dicho sitio de reconocimiento de miARN, y formándose dicho segmento hibridado al menos parcialmente en dicho sitio de reconocimiento de miARN, en el que dicha unión de dicho ARN monocatenario a dicho transcrito inhibe la supresión de dicho al menos un gen diana por un miARN maduro.

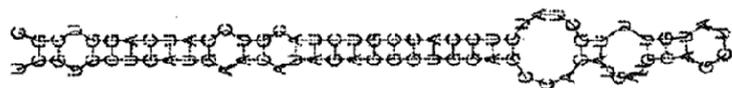
FIGURA 1



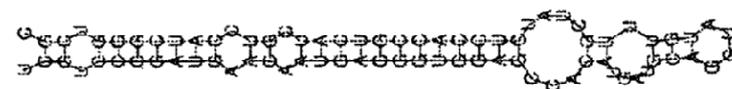
A



B



C



D

5'-CTCCACCGTCATTGTTCATCA-3' (SEC ID N°: 2) (sitio de reconocimiento de miARN de GL1)

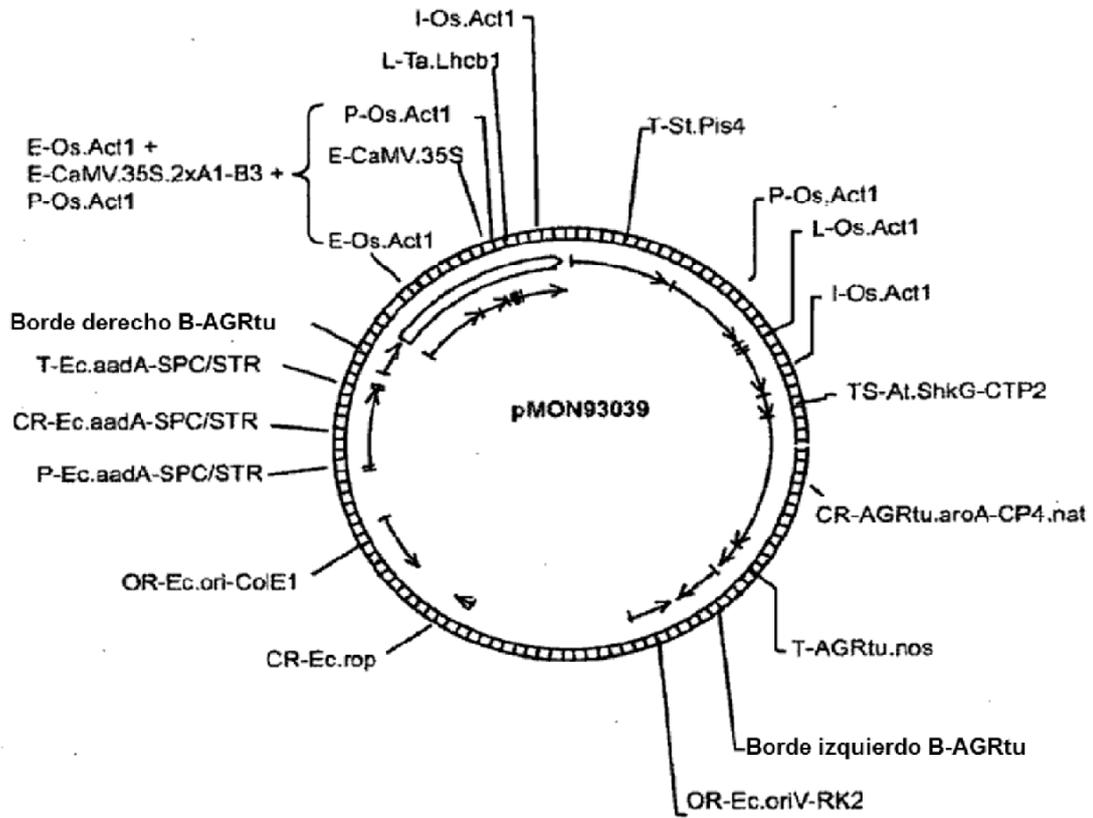
3'-GAGGTGGCAGTAACAAGTAGT-5' (SEC ID N°: 6) (miRGL1 maduro)

3'-GAGGTGGCAGTAACAAGTAGT-5' (SEC ID N°: 8) (miRGL1-CB maduro)

5'-gaCCACCGTCATTGTTCATCA-3' (SEC ID N°:10) (sitio de reconocimiento de GL1 artificial en miRGL1-sensor)

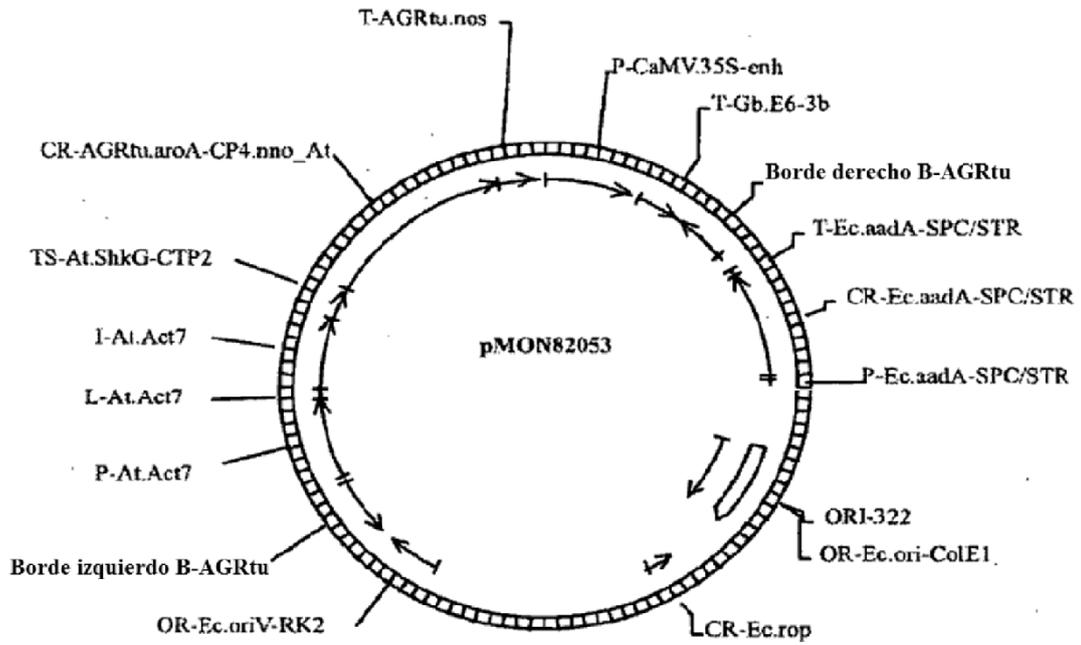
E

FIGURA 2



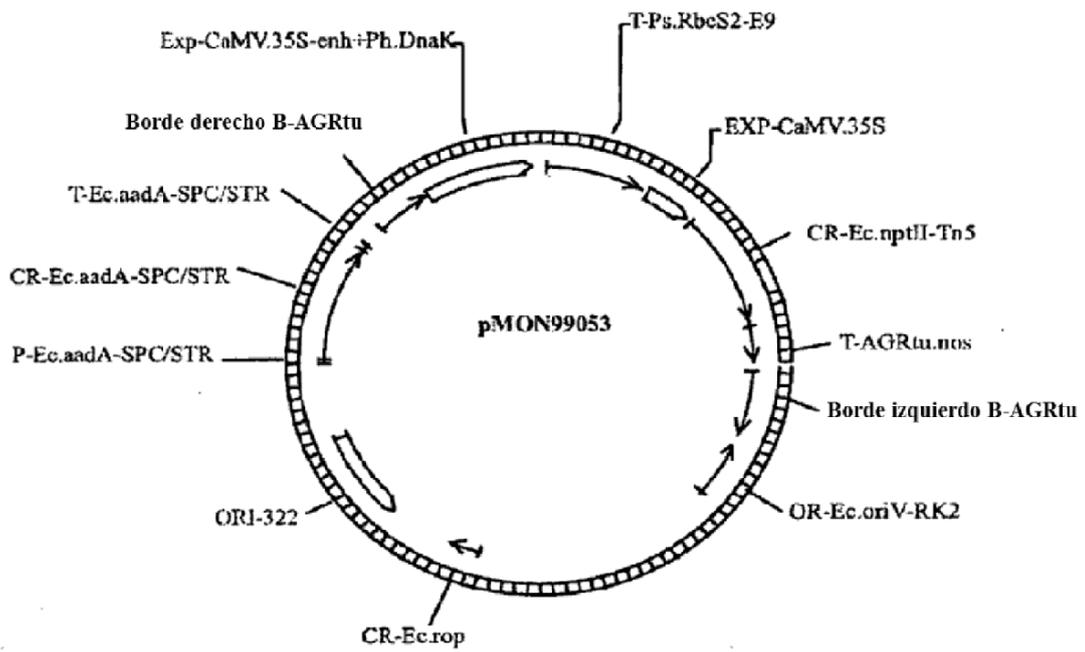
Vector base de transformación de maíz
SEC ID N° 2065

FIGURA 3



Vector base de transformación de soja y colza
SEC ID N° 2066

FIGURA 4



Vector base de transformación de algodón
SEC ID N° 2067