

19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 579 054**

51 Int. Cl.:

**A01H 5/00**

(2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **23.08.2011** **E 11820542 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **27.04.2016** **EP 2608656**

54 Título: **Desarrollo de una característica de procesamiento celulósico utilizando una xilanasa modificada por una inteína termorregulada**

30 Prioridad:

**27.08.2010 US 377759 P**

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

**04.08.2016**

73 Titular/es:

**AGRIVIDA, INC. (100.0%)  
200 Boston Avenue, Suite 3100  
Medford, Massachusetts 02155, US**

72 Inventor/es:

**SHEN, BINZHANG;  
APGAR, JAMES;  
BOUGRI, OLEG y  
RAAB, R. MICHAEL**

74 Agente/Representante:

**CARPINTERO LÓPEZ, Mario**

ES 2 579 054 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

Desarrollo de una característica de procesamiento celulósico utilizando una xilanasa modificada por una inteína termorregulada

### Campo

- 5 Esta solicitud se refiere al desarrollo de una característica de procesamiento celulósico.

### Antecedentes

- La disminución de las fuentes de energía fósiles y los problemas acerca de las emisiones de gases de efecto invernadero han dado lugar al desarrollo de combustibles alternativos (Hill, y col. 2006). Los biocombustibles celulósicos están entre los combustibles alternativos líderes debido a su potencial para una alta capacidad, capacidad para producirse a partir de biomasa no alimentaria, y un coste relativamente bajo de la materia prima (Klass, D.L., 2004). Los biocombustibles celulósicos actuales pueden tener altos costes de producción, particularmente los que se asocian con el pretratamiento de biomasa e hidrólisis enzimática (Lynd, y col., 2008; Himmel y col., 2007). Las necesidades de carga enzimática para el procesamiento celulósico sigue siendo un desafío para la industria debido a los altos costes y a la capacidad de producción limitada (Hood y col., 2007). Al contrario que el bioprocesamiento microbiano consolidado (Lynd, y col., 2005), que se basa en la disponibilidad de azúcares fermentables para la coproducción de enzimas y biocombustible, se ha previsto que la consolidación *in planta* será más rentable debido a que no necesita el trasvase de azúcares fermentables para la producción microbiana de enzimas (Sairam, y col., 2008; Sainz 2009). Se ha presentado una *Arabidopsis* transgénica que expresa una xilanasa bacteriana en Borhardt y col, 2010).
- Aparte de esta ventaja, la expresión *in planta* de enzimas que degradan la pared celular (DPC) puede dar lugar a fenotipos vegetales perjudiciales, que incluyen tamaño atrofiado de la planta, mala calidad y endurecimiento pobre de las semillas, reducción de la fertilidad, y aumento de la susceptibilidad a enfermedades (Harholt, y col., 2010; Hood y col., 2003; Taylor y col., 2008); todo lo cual puede afectar al rendimiento.
- Las inteínas son polipéptidos que se auto-cortan y empalman que se encuentran en polipéptidos huéspedes (exteínas) de muchos organismos (Perler y col., 1994). Al escindir, las inteínas vuelven a unir entre ellas las secuencias de los bordes del polipéptido exteína con un enlace peptídico en una reacción de corte y empalme (Saleh y Perler, 2006). A menudo está presente una cisteína, serina o treonina en el sitio de unión entre el extremo carboxilo de la inteína y el carboxilo exteína de la proteína diana (Xu, y col., 1993).
- Las xilanasas son una clase principal de las enzimas que degradan la pared celular necesarias para la hidrólisis completa de las paredes celulares vegetales en azúcares fermentables. Las xilanasas hidrolizan los polímeros de hemicelulosa y tienen papeles clave al hacer que la celulosa sea más accesible a la hidrólisis enzimática (Selig y col., 2008; Selig y col., 2009; Dylan & Cann, 2009). Debido a sus propiedades catalíticas, las celulasas y xilanasas que son capaces de funcionar en un amplio intervalo de pH y a altas temperaturas pueden ser adecuadas para la producción de biocombustibles y productos químicos a partir de materias primas lignocelulósicas. Un proceso de consolidación que utilice la producción de enzimas *in planta* tiene el potencial de reducir significativamente el coste y la capacidad de producción de enzimas, siempre que no afecte a los rendimientos de biomasa.

### Sumario

- En un aspecto, la invención se refiere a una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica de acuerdo con las reivindicaciones 1, 2, 3, 12 y 18. La planta transgénica incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. La xilanasa modificada por una inteína tiene la inteína fusionada internamente en la secuencia de xilanasa. La xilanasa modificada por una inteína tiene una menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de inteína.

- Se desvela un procedimiento para obtener un azúcar. El procedimiento incluye proporcionar una planta transgénica que tiene un vector de expresión, o una parte de la planta transgénica. El vector de expresión incluye una secuencia que codifica una xilanasa. El procedimiento incluye también someter la planta transgénica a hidrólisis enzimática.

- En un aspecto, la invención se refiere a un procedimiento para obtener un azúcar de acuerdo con las reivindicaciones 4, 5, 6, 7, 11 y 18. El procedimiento incluye proporcionar la planta transgénica que tiene un vector de expresión, o una parte de la planta transgénica. El vector de expresión incluye una secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína. La xilanasa modificada por una inteína tiene la inteína fusionada internamente en la secuencia de xilanasa y menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de inteína. El procedimiento también incluye someter la planta transgénica a hidrólisis enzimática.

- Se desvela un procedimiento para producir una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica y una semilla con una menor tasa de germinación con respecto a la semilla que no tiene la característica autohidrolítica. El procedimiento incluye proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa y transformar una planta o parte de la misma con la construcción de expresión.

En un aspecto, la invención se refiere a un procedimiento para producir una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica de acuerdo con las reivindicaciones 8, 9, 10, 11 y 19. El procedimiento incluye proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína. La xilanasa modificada por una inteína tiene la inteína fusionada internamente en la secuencia de xilanasa. El procedimiento también incluye transformar una planta o parte de la misma con la construcción de expresión. La xilanasa modificada por una inteína tiene menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de inteína.

Se desvela una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica y una semilla con menor tasa de germinación con respecto a la semilla que no tiene la característica autohidrolítica. La planta transgénica incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa.

En un aspecto, la invención se refiere a una xilanasa modificada por una inteína de acuerdo con las reivindicaciones 13 o 14.

Se desvela un ácido nucleico aislado que tiene una secuencia que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas en condiciones de rigurosidad moderada.

En un aspecto, la invención se refiere a un ácido nucleico aislado de acuerdo con las reivindicaciones 15 o 16.

Se desvela un ácido nucleico aislado que incluye una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene una secuencia con una identidad de al menos el 90 % con una de las de SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64.

Se desvela una inteína que tiene una secuencia con una identidad de al menos el 90 % con una de SEQ ID NO: 22, 23, 24, 25, 26, 27, o 28.

Se desvela un ácido nucleico que codifica una inteína que tiene una secuencia con una identidad de al menos el 90 % con una de SEQ ID NO: 22, 23, 24, 25, 26, 27, o 28.

Se desvela una semilla de una planta transgénica. La planta transgénica tiene una característica autohidrolítica y una semilla con una menor tasa de germinación con respecto a la semilla que no tiene la característica autohidrolítica. La planta transgénica incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa.

En un aspecto, la invención se refiere a una semilla de una planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 17. La planta transgénica tiene una característica autohidrolítica. La planta transgénica incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína. La xilanasa modificada por una inteína tiene la inteína fusionada internamente en la secuencia de xilanasa. La xilanasa modificada por una inteína tiene menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de la inteína.

### **Breve descripción de los dibujos**

La siguiente descripción detallada de las realizaciones preferidas de la presente invención se entenderá mejor cuando se lea en conjunto con los dibujos adjuntos. Con el fin de ilustrar la invención, se muestran en los dibujos, realizaciones que se prefieren actualmente. Se entiende, sin embargo, que la invención no se limita a la disposición e instrumentación precisa que se muestra. En los dibujos:

Las FIG. 1A-D ilustran del desarrollo de XynB modificada por una inteína regulada por la temperatura. La FIG. 1A muestra la exploración de candidatos en placas de agar. La FIG. 1B muestra la evaluación de la actividad termorregulada de iXynB. La FIG. 1C muestra la actividad termorregulada, dependiente del tiempo, de los candidatos iXynB. La FIG. 1D muestra el transcurso de un corte y empalme de inteína.

Las FIG. 2A-B ilustran la identificación y mapa de aminoácidos clave en iXynB Tth que modulan el corte y empalme de inteína sensible a la temperatura. La FIG. 2A muestra algunas mutaciones de la secuencia. En la FIG. 2A, un segmento de XynB modificado con una secuencia Tth en la posición T134 (SEQ ID NO: 40) comienza con los primeros cinco aminoácidos en negrita, subrayados y continúa a través de los aminoácidos sin negrita ni subrayados y luego a través de los cuatro aminoácidos finales en negrita, subrayados. Un segmento de XynB modificado con una secuencia Tth en la posición S158 (SEQ ID NO: 41) comienza con los cinco primeros aminoácidos en negrita, subrayados y continúa a través del texto sin negrita ni subrayado y luego a través de los aminoácidos finales sin negrita, subrayados. La FIG. 2B muestra un mapa estructural de los restos de aminoácido.

La FIG. 3 ilustra los sitios de inserción de la inteína Tth S158 y T134 con respecto al agrupamiento de aminoácidos más cercano al sitio activo de XynB.

Las FIG. 4A-E ilustran los efectos de la XynB e iXynB nativas en el desarrollo, actividad y germinación de las semillas. La FIG. 4A muestra los datos con respecto al desarrollo de las semillas, la FIG. 4B muestra los datos con respecto a la actividad de la xilanasa en las semillas, la FIG. 4C muestra los datos con respecto a la biomasa de las semillas, la FIG. 4D muestra los datos con respecto a la germinación de las semillas, y la FIG. 4E ilustra la morfología de las semillas.

Las FIG. 5A-B ilustran la actividad de xilanasa y la liberación de glucosa por la expresión de XynB nativa y modificada con inteína en el forraje de maíz. La FIG. 5A muestra los datos con respecto a la actividad de xilanasa en el forraje de maíz, y la FIG. 5B muestra los datos con respecto a la liberación de glucosa por el forraje de maíz.

La FIG. 6 ilustra el plásmido pSB11.

Las FIG. 7A, 7B y 7C ilustran los resultados del procesamiento con plantas transgénicas que contienen P77853-T134-100-101, donde P77853 es XynB, la inteína Tth se inserta en la posición T134, y la inteína tiene las denominaciones de mutación 100 y 101. Se produjeron las diferentes plantas utilizando los vectores pAG4000 (planta transgénica de control), pAG2014, pAG2227, pAG2228, y pAG2229. En estas figuras NCt son los datos de las plantas que fueron procesadas, pero sin que se añadieran enzimas externas durante la hidrólisis; Ct-Xyl son los datos de las plantas que se procesaron utilizando enzimas externas pero no enzima xilanasa durante la hidrólisis; y FCt son los datos de plantas que se procesaron utilizando un coctel completo de enzimas externas, incluyendo la xilanasa.

### **Descripción detallada de las realizaciones preferidas**

Se utiliza cierta terminología en la siguiente descripción solo por conveniencia y sin limitación. Las palabras “derecha”, “izquierda”, “arriba” y “abajo” designan la localización a la que se hace referencia en los dibujos.

Las palabras “un” y “uno”, como se utilizan en las reivindicaciones y en las partes correspondientes de la memoria descriptiva se definen como que incluyen uno o más de los artículos a los que hace referencia a menos de que se establezca otra cosa. La frase “al menos uno” seguida por una lista de dos o más artículos, tales como “A, B o C”, significa cualquiera de A, B, o C así como cualquier combinación de los mismos.

“Ácido nucleico aislado”, “polinucleótido aislado”, “oligonucleótido aislado”, “ADN aislado” o “ARN aislado” como se utiliza en el presente documento se refiere a un ácido nucleico, polinucleótido, oligonucleótido, ADN, o ARN que se ha separado del organismo del que se origina, o del genoma, localización o moléculas de origen natural con el que se asocia habitualmente. Un ácido nucleico aislado, polinucleótido aislado, oligonucleótido aislado, ADN aislado, o ARN aislado puede ser un ácido nucleico que se produce a través de un proceso de síntesis. Un ácido nucleico aislado, polinucleótido aislado, oligonucleótido aislado, ADN aislado, ARN aislado puede tener enlaces covalentes con restos distintos de los que se encuentra en su localización natural, o puede carecer de enlaces covalentes con restos con los que se asocia en su localización natural.

“sProteína aislada”, “polipéptido aislado”, “oligopéptido aislado”, “péptido aislado”, o “secuencia de aminoácido aislada” como se utiliza en el presente documento se refiere a una proteína, polipéptido, oligopéptido, péptido o secuencia de aminoácidos que se separa del organismo del que se origina o de la localización donde existe naturalmente, o de moléculas con las que se asocia habitualmente. Una proteína aislada, polipéptido aislado, oligopéptido aislado, péptido aislado o secuencia de aminoácidos aislada se puede producir por medio de un proceso de síntesis. Una proteína aislada, polipéptido aislado, oligopéptido aislado, péptido aislado, o secuencia de aminoácidos aislada puede tener enlaces covalentes con restos distintos de los que se encuentran en su localización natural, o pueden carecer de enlaces covalentes con restos con los que se asocia en su localización natural.

Como se utiliza en el presente documento, “variante” se refiere a una molécula que mantiene una actividad biológica que es la misma o sustancialmente similar a la de la secuencia original. La variante puede ser de la misma especie o diferente o puede ser una secuencia sintética que se basa en una molécula natural o anterior. En el contexto de actividad enzimática, sustancialmente similar significa que la variante tiene al menos un 50 % de la actividad de la enzima nativa o una enzima que tiene una secuencia de referencia particular en el presente documento. La actividad enzimática puede ser la hidrólisis del material vegetal. La actividad enzimática puede ser actividad xilanasa. La actividad enzimática puede ser la hidrólisis de la hemicelulosa, celulosa, celobiosa, o lignina. Una variante de inteína puede tener una actividad de corte y empalme similar en comparación con la inteína nativa o una inteína que tiene una secuencia de referencia particular en el presente documento, en el que sustancialmente similar significa que la variante tiene al menos un 50 % de actividad de corte y empalme de la inteína nativa o de la inteína que tiene la secuencia de referencia en particular. Una variante puede tener mutaciones o una longitud diferente de la secuencia original. Los ensayos para ensayar la actividad enzimática o el corte y empalme de inteína que se proporcionan posteriormente se pueden utilizar para analizar las variantes. Se puede utilizar como ensayo un ensayo en líquido o un ensayo de diagnóstico en placa de agar como se describe en el Ejemplo 1.

Los ácidos nucleicos, secuencias de nucleótido, proteínas o secuencias de aminoácidos a los que se hace referencia en el presente documento se pueden aislar, purificar, sintetizar químicamente, o producir por medio de tecnología de ADN recombinante. Todos estos procedimientos se conocen bien en la técnica.

Como se utiliza en el presente documento “unido operativamente” se refiere a la asociación de dos o más biomoléculas en una configuración relativa entre ellas tal que puedan llevar a cabo la función normal de las biomoléculas. En relación a las secuencias de nucleótido, “unidas operativamente” se refiere a la asociación de dos o más secuencias de ácido nucleico con una configuración relativa entre ellas tal que puedan llevar a cabo la función normal de las secuencias. Por ejemplo, la secuencia de nucleótido que codifica una presecuencia o líder secretora

está unida operativamente a una secuencia de nucleótido de un polipéptido si se expresa como una preproteína que participa en la secreción del polipéptido; un promotor o amplificador está unido operativamente a una secuencia codificante si afecta la transcripción de la secuencia codificante; y un sitio de unión al ribosoma del ácido nucleico está unido operativamente a una secuencia codificante si se posiciona de manera que facilita la unión del ribosoma al ácido nucleico.

Una realización proporciona un corte y empalme de inteína modificado que se regula por la temperatura (termorregulado) como un cambio condicionado que se puede utilizar para controlar la actividad enzimática en las plantas. Una realización proporciona un procedimiento para controlar la actividad enzimática en plantas utilizando el corte y empalme termorregulado de inteína. Una divulgación proporciona plantas transgénicas modificadas para que contengan una enzima modificada por una inteína. Una divulgación proporciona plantas transgénicas modificadas para que contengan una enzima que degrada la pared celular. Una divulgación proporciona plantas transgénicas modificadas para que contengan una enzima que degrada la pared celular y una enzima que degrada la pared celular modificada por una inteína. Una divulgación proporciona un procedimiento para aumentar la autohidrólisis en una planta proporcionando una enzima que degrada la pared celular y/o una enzima que degrada la pared celular modificada por una inteína en la planta. El aumento de autohidrólisis que se desvela se puede proporcionar incluyendo una proteína modificada por una inteína que degrada la pared celular en la planta. El aumento de autohidrólisis que se desvela se proporciona incluyendo una proteína que degrada la pared celular en la planta. El aumento de autohidrólisis se proporciona incluyendo un xilanasa modificada por una inteína en la planta.

Una divulgación proporciona una planta transgénica que tiene un aumento de la autohidrólisis y tasas normales de germinación de las semillas, o tasas de germinación similares a las del mismo tipo de semillas que carecen del aumento de la hidrólisis. La planta transgénica de la presente realización puede incluir una proteína modificada por una inteína que degrada la pared celular en la planta. La proteína modificada por una inteína que degrada la pared celular puede ser una xilanasa modificada por una inteína.

Una divulgación proporciona una planta transgénica con un aumento de autohidrólisis y tasas de germinación más bajas. El aumento de autohidrólisis se puede proporcionar incluyendo características de hidrólisis de hemicelulosa o celulosa en la planta transgénica. El aumento de autohidrólisis se puede proporcionar incluyendo una proteína modificada por una inteína que degrada la pared celular en la planta transgénica. El aumento de autohidrólisis se puede proporcionar incluyendo una xilanasa en la planta transgénica.

Como se utiliza en el presente documento, "autohidrólisis" se refiere a constituyentes de una planta que van a hidrolizarse por al menos un agente heterólogo producido por la planta. Los agentes heterólogos producidos por la planta pueden incluir enzimas, enzimas modificadas por inteína, proteínas, secuencias de ARN, u otros agentes. Una realización proporciona plantas con un aumento de autohidrólisis y procedimientos para producir las mismas. El agente heterólogo de la planta o que se incorpora en los procedimientos puede ser una enzima, una enzima modificada por una inteína, una proteína, una secuencia de ARN, u otro agente.

Un procedimiento, composición, planta transgénica o parte de la misma, ácido nucleico, o secuencia de aminoácidos que se desvela en el presente documento puede incluir uno o más de los ácidos nucleicos o secuencias de aminoácidos a los que se hace referencia en cualquier parte del presente documento o una variante de los mismos, una proteína codificada por un ácido nucleico a la que se hace referencia en el presente documento o una variante de la misma, o un ácido nucleico que codifica una proteína al que se hace referencia en el presente documento o una variante del mismo. Se pueden proporcionar subsecuencias de los ácidos nucleicos o proteínas que se desvelan en el presente documento, en el que la subsecuencia se puede seleccionar de entre cada secuencia dentro del intervalo de 5 a X nucleótidos o restos de aminoácidos de longitud, que se toma en cualquier lugar a lo largo de la longitud de la secuencia de ácido nucleico o de proteína, donde X = cualquier número entero de 5 a N, y donde N = la longitud completa de la secuencia de ácido nucleico o proteína. Cuando el punto de inicio de la subsecuencia es una posición distinta de la posición 1 de la secuencia de ácido nucleico o proteína, X se escoge de forma que la longitud completa de la subsecuencia no exceda la longitud desde el punto de inicio a N. Como ejemplo no limitante, una secuencia puede tener 350 nucleótidos, y se puede proporcionar como una subsecuencia del presente documento cualquier fragmento con una longitud de 5 a X de la secuencia de 350 nucleótidos. En este ejemplo, si se escoge la posición 100 como punto de inicio, la subsecuencia puede escogerse de entre las posiciones 100-105, 100-106, 100-107 ... 100-350; si se escoge la posición 50 de nucleótido como punto de inicio, la subsecuencia se puede escoger de entre las posiciones 50-55, 50-56, 50-57...50-350; etc. Las secuencias y subsecuencias, y las variantes de las mismas se pueden proporcionar en formas que incluyen pero no se limitan a ácidos nucleicos aislados, secuencias de aminoácidos aisladas, en un vector, en un vector de expresión, o en una planta transgénica. Las subsecuencias se pueden proporcionar en un vector, vector de expresión o en una planta transgénica. Una subsecuencia puede ser una sonda de hibridación o un cebador. Las secuencias o subsecuencias en un vector de expresión puede estar unidas operativamente a un promotor. Los vectores de expresión pueden proporcionarse en una planta transgénica. Las secuencias de ácido nucleico o aminoácidos que se proporcionan en las realizaciones del presente documento incluyen pero no se limitan a las del Ejemplo 18 posterior, y las del listado de secuencias adjunto.

"Porcentaje de identidad", como se utiliza en el presente documento significa que una secuencia tiene un determinado porcentaje de identidad a lo largo de su longitud con una secuencia de referencia de igual longitud. Se

puede proporcionar una secuencia en el presente documento que tenga una identidad del 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una de las secuencias o subsecuencias del presente documento, o cualquier porcentaje único entero de identidad desde el 75 % al 100 %. El porcentaje de identidad con una secuencia se puede medir con el algoritmo de Smith-Waterman (Smith TF, Waterman MS (1981), "Identification of Common Molecular Subsequences," Journal of Molecular Biology 147: 195-197).

Se puede proporcionar un ácido nucleico aislado para un procedimiento o composición del presente documento que tenga una secuencia como se ha expuesto en uno cualquiera de los ácidos nucleicos que se enumeran en el presente documento. En una divulgación, se proporciona un ácido nucleico aislado que tiene una secuencia que se hibrida con un ácido nucleico que tiene la secuencia de uno de los ácidos nucleicos que se enumeran en el presente documento o el complementario del mismo. En una realización, las condiciones de hibridación son condiciones de rigurosidad baja. En una realización, las condiciones de hibridación son condiciones de rigurosidad moderada. En una divulgación, las condiciones de hibridación son condiciones de alta rigurosidad. En los siguientes textos se describen ejemplos de protocolos de hibridación y procedimientos para la optimización de los protocolos de hibridación: Molecular Cloning, T. Maniatis, E.F. Fritsch, y J. Sambrook, Cold Spring Harbor Laboratory, 1982; y, Current Protocols in Molecular Biology, F.M. Ausubel, R. Brent, R.E. Kingston, D.D. Moore, J.G. Seidman, J.A. Smith, K. Struhl, Volumen 1, John Wiley & Sons, 2000. A modo de ejemplo, pero sin limitación, los procedimientos para la hibridación en condiciones de rigurosidad moderada son los siguientes: Se pretratan filtros que contienen ADN durante 2-4 h a 68 °C en una solución que contiene 6x de SSC (Amersco, Inc., Solon, OH), 0,5 % de SDS (Amersco, Inc., Solon, OH), 5x de solución de Denhardt (Amersco, Inc., Solon, OH), y 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón desnaturalizado (Invitrogen Life Technologies, Inc., Carlsbad, CA). Aproximadamente se utilizan 0,2 ml de la solución de pretratamiento por centímetro cuadrado de membrana. Las hibridaciones se llevan a cabo en la misma solución con las siguientes modificaciones: 0,01 M de EDTA (Amresco, Inc., Solon, OH), 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón, y se pueden utilizar 5-20 x 10<sup>6</sup> cpm de sondas marcadas con P<sup>32</sup> o marcadas fluorescentemente. Se incuban los filtros en la mezcla de hibridación durante 16-20 h a 68 °C y luego se lavan durante 15 minutos a temperatura ambiente (con cinco grados de 25 °C) en una solución que contiene 2x SSC y 0,1 % de SDS, con agitado suave. La solución de lavado se sustituye con una solución que contiene 0,1x SSC y 0,5 % de SDS, y se incuban unas 2 h adicionales a 68 °C, con agitado suave. Se secan los filtros con papel secante y se exponen para su desarrollo en un dispositivo de imagen o por autorradiografía. Si fuera necesario, se lavan los filtros una tercera vez y se re-exponen para su desarrollo. A modo de ejemplo, pero sin limitación, baja rigurosidad se refiere a las condiciones de hibridación que emplean baja temperatura para la hibridación, por ejemplo, temperaturas entre 37 °C y 60 °C. A modo de ejemplo, pero sin limitación, alta rigurosidad se refiere a las condiciones de hibridación que se han expuesto anteriormente pero con la modificación de que se emplean altas temperaturas, por ejemplo, hibridación a una temperatura superior a 68 °C.

En una divulgación, se proporciona un procedimiento para producir una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica y una semilla con disminución de la tasa de germinación con respecto a la semilla que no tiene la característica autohidrolítica. El procedimiento puede incluir proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa y una planta transformada con la construcción de expresión o una parte de la misma. La construcción de expresión puede incluir un promotor unido operativamente a la secuencia que codifica una xilanasa. El promotor unido operativamente puede ser un promotor inducible. El promotor unido operativamente puede ser un promotor constitutivo. Los promotores constitutivos que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan a promotores ubiquitina, promotores actina, un promotor fosfoenolpiruvato (PEPC), o el promotor del virus del mosaico de la coliflor (CMV). El procedimiento puede incluir la expresión de la xilanasa. Si el vector de expresión está configurado para que se exprese la xilanasa todas o la mayoría de las veces, se puede acumular la xilanasa sin tener que realizar ninguna etapa adicional. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa por inducción de la expresión, el procedimiento puede incluir la expresión de la xilanasa proporcionando las condiciones que contribuyan a la inducción. Ejemplos de promotores y etapas para proporcionar las condiciones que contribuyan a la inducción que se pueden proporcionar incluyen pero no están limitados al promotor 1a de la proteína relacionada con la patogénesis del arroz que puede inducirse aplicando ácido salicílico exógeno a la planta, el promotor Sag39 del arroz que se induce cuando la planta entra en senescencia, y el promotor de la glutelina del arroz que se induce durante el desarrollo de semillas en la planta. La xilanasa es una xilanasa de *Dictyoglomus* o una variante de la misma. La xilanasa desvelada puede ser pero no se limita a la que tenga una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 19. La xilanasa desvelada puede ser una subsecuencia de SEQ ID NO: 19 que sea una variante de SEQ ID NO: 19. Una xilanasa que tenga menos del 100 % de identidad con la secuencia de SEQ ID NO: 19 puede ser una variante de la secuencia que tiene el 100 % de identidad con SEQ ID NO: 19. La secuencia que codifica la xilanasa desvelada puede incluir un ácido nucleico que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo en condiciones de una de entre baja rigurosidad, alternativamente rigurosidad moderada, o alternativamente alta rigurosidad. La secuencia que codifica la xilanasa desvelada puede incluir un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo. La secuencia que codifica la xilanasa desvelada puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 19 o una subsecuencia de la secuencia de aminoácidos que tiene al menos 20 aminoácidos. La planta o parte de la misma puede ser pero

no se limita a una planta de maíz o una parte de la misma, una planta de pasto varilla o parte de la misma, o una planta de sorgo o parte de la misma. El procedimiento puede incluir al menos uno de entre cultivar la planta transgénica, propagar la planta, obtener la progenie de la planta transgénica, u obtener las semillas a partir de la planta transgénica o su progenie.

- 5 En una realización, se proporciona un procedimiento para producir una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica de acuerdo con las reivindicaciones 8, 9, 10, 11 y 19. El procedimiento incluye proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. La inteína está fusionada internamente en la xilanasa. El procedimiento incluye transformar una planta o parte de la misma con la construcción de expresión. La xilanasa modificada por una inteína tiene menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de inteína. La construcción de expresión puede incluir un promotor unido operativamente a la secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. El promotor unido operativamente puede ser un promotor inducible. El promotor unido operativamente puede ser un promotor constitutivo. Los promotores constitutivos que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan a promotores ubiquitina (por ejemplo, promotores tales como promotores ubiquitina de maíz, ubiquitina de arroz, ubiquitina de panicum), promotores actina, promotor fosfoenolpiruvato (PEPC), o promotor del virus del mosaico de la coliflor (CMV). El procedimiento puede incluir la expresión de la xilanasa modificada por una inteína. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa modificada por una inteína todas o la mayoría de las veces, la xilanasa modificada por una inteína se puede acumular sin tener que realizar ninguna etapa adicional. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa modificada por una inteína por inducción de la expresión, el procedimiento puede incluir expresar la xilanasa modificada por una inteína proporcionando las condiciones que contribuyan a la inducción. Ejemplos de promotores y etapas para proporcionar las condiciones que contribuyen a la inducción que se pueden proporcionar incluyen pero no están limitados al promotor 1a de la proteína relacionada con la patogénesis del arroz que puede inducirse aplicando ácido salicílico exógeno a la planta, el promotor Sag39 del arroz que se induce cuando la planta entra en senescencia, y el promotor de la glutelina del arroz que se induce durante el desarrollo de semillas en la planta. Las partes de xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua son una xilanasa de *Dictyoglomus* o una variante de la misma. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua pueden tener una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 19. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua pueden ser una subsecuencia de SEQ ID NO: 19 que sea una variante de SEQ ID NO: 19. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua y que tiene menos del 100 % de identidad con la secuencia de SEQ ID NO: 19 puede ser una variante de la secuencia que tiene el 100 % de identidad con SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica las partes de xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína cuando se considera como una secuencia contigua puede incluir un ácido nucleico que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo en condiciones de una de entre baja o alternativamente moderada rigurosidad, o alternativamente alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa de la xilanasa modificada con una inteína cuando se considera como una secuencia contigua puede incluir un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa cuando se considera como una secuencia contigua puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 19. La xilanasa modificada por una inteína desvelada puede tener una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada con una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas en condiciones de baja rigurosidad, alternativamente de rigurosidad moderada, o alternativamente de alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada por una inteína puede ser un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de una de las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada por una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La inteína desvelada en la xilanasa modificada por una inteína puede tener una secuencia que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 22-28. La planta o parte de la misma puede ser pero no se limita a una planta de maíz o una parte de la misma, una planta de pasto varilla o parte de la misma, o una planta de sorgo o parte de la misma. El procedimiento puede incluir proporcionar las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a una temperatura por encima de la temperatura a la que se cultiva la planta transgénica. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a temperaturas de 50 °C a 70 °C. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a cualquier temperatura en un intervalo entre cualquiera de dos

valores enteros de 50 °C a 70 °C. La planta transgénica o una parte de la misma puede ser pero no se limita a una planta de maíz o una parte de la misma, una planta de pasto varilla o parte de la misma, o una planta de sorgo o parte de la misma. El procedimiento puede incluir al menos uno de cultivar la planta transgénica, propagar la planta, obtener la progenie de la planta transgénica, u obtener las semillas a partir de la planta transgénica o su progenie.

5 En una divulgación, se proporciona una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica y una semilla con una menor tasa de germinación con respecto a la semilla que no tiene la característica autohidrolítica, o una parte de la misma. La planta transgénica puede ser la planta desarrollada originalmente tras la transformación o una progenie de la misma. La planta transgénica puede incluir un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa. La construcción de expresión puede incluir un promotor unido operativamente a la secuencia  
10 que codifica una xilanasa. El promotor unido operativamente puede ser un promotor inducible. El promotor unido operativamente puede ser un promotor constitutivo. Los promotores constitutivos que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan a promotores ubiquitina (por ejemplo promotores tales como promotores ubiquitina de maíz, ubiquitina de arroz, o ubiquitina de panicum), promotores actina, el promotor fosfoenolpiruvato (PEPC), o el promotor del virus del mosaico de la coliflor (CMV). La planta transgénica puede configurarse para permitir que se exprese la xilanasa. Si el vector de expresión está configurado para que se exprese la xilanasa todas o la mayoría de las veces, se puede acumular la xilanasa sin tener que realizar ninguna etapa adicional. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa por inducción de la expresión, la expresión de la xilanasa se puede conseguir proporcionando las condiciones que contribuyan a la inducción. Ejemplos de promotores y etapas para proporcionar las condiciones que contribuyen a la inducción que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan al promotor  
20 1a de la proteína relacionada con la patogénesis del arroz que puede inducirse aplicando ácido salicílico exógeno a la planta, el promotor Sag39 del arroz que se induce cuando la planta entra en senescencia, y el promotor de la glutelina del arroz que se induce durante el desarrollo de semillas en la planta. La xilanasa es una xilanasa de *Dictyoglomus* o una variante de la misma. La xilanasa desvelada puede pero no se limita a la que tenga una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 19. La xilanasa desvelada puede ser una subsecuencia de SEQ ID NO: 19 que sea una variante de SEQ ID NO: 19. Una xilanasa desvelada que tenga menos del 100 % de identidad con la secuencia de SEQ ID NO: 19 puede ser una variante de la secuencia que tiene el 100 % de identidad con SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa puede incluir un ácido nucleico que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo, en condiciones de una de entre baja, alternativamente moderada rigurosidad, o alternativamente alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 19, o una subsecuencia de la secuencia de aminoácidos que tiene al menos 20 aminoácidos. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa puede incluir un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo. La planta transgénica o parte de la misma puede ser pero no se limita a una planta transgénica de maíz o una parte de la misma, una planta transgénica de pasto varilla o parte de la misma, o una planta transgénica de sorgo o parte de la misma.

En una realización, se proporciona una planta transgénica que tiene una característica hidrolítica, o una parte de la misma de acuerdo con las reivindicaciones 1, 2, 3, 12 y 18. La planta transgénica puede ser la planta desarrollada originalmente tras la transformación o una progenie de la misma. La planta transgénica incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. La xilanasa modificada por una inteína tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa. La xilanasa modificada por una inteína tiene una menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de la inteína. La construcción de expresión puede incluir un promotor unido operativamente a la secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. El promotor unido operativamente puede ser un promotor inducible. El promotor unido operativamente puede ser un promotor constitutivo. Los promotores constitutivos que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan a promotores ubiquitina (por ejemplo promotores tales como promotores ubiquitina de maíz, ubiquitina de arroz, o ubiquitina de panicum), promotores actina, el promotor fosfoenolpiruvato (PEPC), o el promotor del virus del mosaico de la coliflor (CMV). La planta transgénica puede configurarse para permitir que se exprese la xilanasa. Si el vector de expresión está configurado para que se exprese la xilanasa modificada por una inteína todas o la mayoría de las veces, se puede acumular la xilanasa modificada por una inteína sin tener que realizar ninguna etapa adicional. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa modificada por una inteína por inducción de la expresión, la expresión de la xilanasa modificada por una inteína puede incluir proporcionar las condiciones que contribuyan a la inducción. Ejemplos de promotores y etapas para proporcionar las condiciones que contribuyen a la inducción que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan al promotor 1a de la proteína relacionada con la patogénesis del arroz que puede inducirse aplicando ácido salicílico exógeno a la planta, el promotor Sag39 del arroz que se induce cuando la planta entra en senescencia, y el promotor de la glutelina del arroz que se induce durante el desarrollo de semillas en la planta. Las partes de xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua son una xilanasa de *Dictyoglomus* o una variante de la misma. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua pueden tener una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 19. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua pueden ser una subsecuencia de

SEQ ID NO: 19 que sea una variante de SEQ ID NO: 19. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua y tengan menos del 100 % de identidad con la secuencia de SEQ ID NO: 19 pueden ser una variante de la secuencia que tiene el 100 % de identidad con SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica las partes de xilanasa de la xilanasa modificada con una inteína puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica las partes de xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína puede incluir un ácido nucleico que se hibrida con una secuencia de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 20 o la complementaria de la misma en condiciones de baja rigurosidad, o alternativamente rigurosidad moderada, o alternativamente alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína puede incluir un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo. La xilanasa modificada por una inteína puede tener una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada con una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas en condiciones de baja rigurosidad, alternativamente de rigurosidad moderada, o alternativamente de alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada por una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de una de las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada por una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de una de las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas. La inteína desvelada en la xilanasa modificada por una inteína puede tener una secuencia que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 22-28. La planta transgénica puede configurarse para que incluya una inteína que se corte y empalme al exponerse a las condiciones de inducción. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a una temperatura por encima de la temperatura a la que se cultiva la planta transgénica. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a una temperatura de 50 °C a 70 °C. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a cualquier temperatura en un intervalo entre cualquiera de dos valores enteros de 50 °C a 70 °C. La planta transgénica o una parte de la misma puede ser pero no se limita a una planta transgénica de maíz o una parte de la misma, una planta transgénica de pasto varilla o parte de la misma, o una planta transgénica de sorgo o parte de la misma.

En una divulgación, se proporciona un procedimiento para obtener un azúcar. El procedimiento puede incluir proporcionar una planta transgénica o parte de una planta transgénica. La planta transgénica incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa. El procedimiento también incluye someter la planta transgénica o parte de la misma a hidrólisis enzimática. El procedimiento puede incluir también expresar la xilanasa. El procedimiento puede incluir también moler y/o pre-procesar con un procedimiento de pretratamiento. Ejemplos no limitantes de hidrólisis, molido, y pre-procesamiento con un procedimiento de pretratamiento se proporcionan posteriormente. La planta transgénica puede incluir un vector de expresión que tenga una secuencia que codifique una xilanasa. La construcción de expresión puede incluir un promotor unido operativamente a la secuencia que codifica una xilanasa. El promotor unido operativamente puede ser un promotor inducible. El promotor unido operativamente puede ser un promotor constitutivo. Los promotores constitutivos que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan a promotores ubiquitina (por ejemplo promotores tales como promotores ubiquitina de maíz, ubiquitina de arroz, o ubiquitina de panicum), promotores actina, el promotor fosfoenolpiruvato (PEPC), o el promotor del virus del mosaico de la coliflor (CMV). La planta transgénica puede configurarse para permitir que se exprese la xilanasa. Si el vector de expresión está configurado para que se exprese la xilanasa todas o la mayoría de las veces, se puede acumular la xilanasa sin tener que realizar ninguna etapa adicional. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa por inducción de la expresión, el procedimiento puede incluir la expresión de la xilanasa proporcionando las condiciones que contribuyan a la inducción. Ejemplos de promotores y etapas para proporcionar las condiciones que contribuyen a la inducción que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan al promotor 1a de la proteína relacionada con la patogénesis del arroz que puede inducirse aplicando ácido salicílico exógeno a la planta, el promotor Sag39 del arroz que se induce cuando la planta entra en senescencia, y el promotor de la glutelina del arroz que se induce durante el desarrollo de semillas en la planta. La xilanasa es una xilanasa de *Dictyoglomus* o una variante de la misma. La xilanasa desvelada puede pero no se limita a la que tenga una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 19. La xilanasa desvelada puede ser una subsecuencia de SEQ ID NO: 19 que sea una variante de SEQ ID NO: 19. Una xilanasa desvelada que tenga menos del 100 % de identidad con la secuencia de SEQ ID NO: 19 puede ser una variante de la secuencia que tiene el 100 % de identidad con SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa puede incluir un ácido nucleico que se hibrida con una secuencia de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo en condiciones de baja rigurosidad, o alternativamente de rigurosidad moderada, o alternativamente de alta

rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 19, o una subsecuencia de la secuencia de aminoácidos que tiene al menos 20 aminoácidos. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa puede incluir un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo. La planta transgénica o parte de la misma puede ser pero no se limita a una planta transgénica de maíz o una parte de la misma, una planta transgénica de pasto varilla o parte de la misma, o una planta transgénica de sorgo o parte de la misma. El procedimiento puede incluir al menos uno de cultivar la planta transgénica, propagar la planta transgénica, obtener la progenie de la planta transgénica, u obtener las semillas a partir de la planta transgénica o su progenie.

En una realización, se proporciona un procedimiento para obtener un azúcar. El procedimiento incluye proporcionar una planta transgénica o parte de una planta transgénica. La planta transgénica tiene un vector de expresión que incluye una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. El procedimiento también incluye someter la planta transgénica o parte de la misma a hidrólisis enzimática. El procedimiento puede incluir también expresar la xilanasa. El procedimiento puede incluir también moler y/o pre-procesar con un procedimiento de pretratamiento. Se proporcionan posteriormente ejemplos no limitantes de hidrólisis, molido, y pre-procesamiento con un procedimiento de pretratamiento. La inteína está fusionada internamente en la xilanasa, y la xilanasa modificada por una inteína tiene una menor actividad con respecto a la xilanasa que carece de inteína. La construcción de expresión puede incluir un promotor unido operativamente a la secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína. El promotor unido operativamente puede ser un promotor inducible. El promotor unido operativamente puede ser un promotor constitutivo. Los promotores constitutivos que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan a promotores ubiquitina (por ejemplo promotores tales como promotores ubiquitina de maíz, ubiquitina de arroz, o ubiquitina de panicum), promotores actina, el promotor fosfoenolpiruvato (PEPC), o el promotor del virus del mosaico de la coliflor (CMV). La planta transgénica puede configurarse para permitir que se exprese la xilanasa. Si el vector de expresión está configurado para que se exprese la xilanasa modificada con una inteína todas o la mayoría de las veces, se puede acumular la xilanasa modificada por una inteína sin tener que realizar ninguna etapa adicional. Si el vector de expresión se configura para expresar la xilanasa modificada por una inteína por inducción de la expresión, el procedimiento puede incluir la expresión de la xilanasa modificada por una inteína proporcionando las condiciones que contribuyan a la inducción. Ejemplos de promotores y etapas para proporcionar las condiciones que contribuyen a la inducción que se pueden proporcionar incluyen pero no se limitan al promotor 1a de la proteína relacionada con la patogénesis del arroz que puede inducirse aplicando ácido salicílico exógeno a la planta, el promotor Sag39 del arroz que se induce cuando la planta entra en senescencia, y el promotor de la glutelina del arroz que se induce durante el desarrollo de semillas en la planta. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua pueden ser una xilanasa de *Dictyoglomus* o una variante de la misma. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína pueden tener una secuencia de aminoácidos que tenga una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 19. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua pueden ser una subsecuencia de SEQ ID NO: 19 que sea una variante de SEQ ID NO: 19. Las partes de xilanasa desveladas de la xilanasa modificada por una inteína cuando se consideran como una secuencia contigua que tenga menos del 100 % de identidad con la secuencia de SEQ ID NO: 19 pueden ser una variante de la secuencia que tiene el 100 % de identidad con SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica la parte de xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína cuando se considera como una secuencia contigua puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 19. La secuencia desvelada que codifica las partes de xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína cuando se considera como una secuencia contigua puede incluir un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo en condiciones de una de baja, alternativamente moderada rigurosidad, o alternativamente de alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína puede incluir un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de SEQ ID NO: 20 o el complementario del mismo. La xilanasa modificada por una inteína desvelada puede tener una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada con una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas en condiciones de baja rigurosidad, alternativamente de rigurosidad moderada, o alternativamente de alta rigurosidad. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada por una inteína puede ser un ácido nucleico que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con la secuencia de una de las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o la complementaria de las mismas. La secuencia desvelada que codifica la xilanasa modificada por una inteína puede ser un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en la secuencia de una de las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La inteína desvelada en la xilanasa modificada por una inteína puede

tener una secuencia que tiene una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 22-30. La planta transgénica puede configurarse para que incluya una inteína que se corte y empalme al exponerse a las condiciones de inducción y el procedimiento puede incluir además proporcionar una condición para inducir el corte y empalme de inteína. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a una temperatura por encima de la temperatura a la que se cultiva la planta transgénica. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a una temperatura de 50 °C a 70 °C. Las condiciones para inducir el corte y empalme de la inteína pueden ser pero no se limitan a cualquier temperatura en un intervalo entre cualquiera de dos valores enteros de 50 °C a 70 °C. La planta transgénica o parte de la misma puede ser pero no se limita a una planta de maíz transgénica o una parte de la misma, una planta transgénica de pasto varilla o parte de la misma, o una planta transgénica de sorgo o parte de la misma.

En una realización, se proporciona una xilanasa modificada por una inteína de acuerdo con las reivindicaciones 13 o 14. La xilanasa modificada con una inteína desvelada puede tener una secuencia con una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una de las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. La identidad puede ser del 100 %.

En una divulgación, se proporciona un ácido nucleico aislado que tiene una secuencia que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o el complementario del mismo en condiciones de baja rigurosidad. En una realización, se proporciona un ácido nucleico aislado que tiene una secuencia que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o el complementario del mismo en condiciones de rigurosidad moderada. En una realización, se proporciona un ácido nucleico aislado que tiene una secuencia que se hibrida con un ácido nucleico de referencia que consiste en la secuencia de SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 18, 35, 36, 37, 38, 59, 61, o 63 o el complementario del mismo en condiciones de alta rigurosidad. En una divulgación, se proporciona un ácido nucleico que codifica una secuencia de aminoácidos con una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una secuencia de aminoácidos de referencia que consiste en una de las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. El porcentaje de identidad puede ser del 100 %.

En una divulgación, se proporciona un ácido nucleico aislado que incluye una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene una secuencia con una identidad del 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una de 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 17, 21, 60, 62, o 64. El porcentaje de identidad puede ser del 100 %.

En una divulgación, se proporciona una inteína que tiene una secuencia con una identidad de al menos el 75, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, o el 100 % con una de SEQ ID NO: 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 o 30. El porcentaje de identidad puede ser del 100 %.

En una divulgación, se proporciona un ácido nucleico aislado que codifica una inteína que tiene una secuencia con una identidad de al menos el 90 % con una de SEQ ID NO: 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 o 30. El porcentaje de identidad puede ser del 100 %.

Como se desvela, se puede proporcionar una xilanasa que tenga menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia. La xilanasa desvelada puede proporcionarse como una secuencia contigua o como parte de una xilanasa modificada por una inteína. La xilanasa desvelada que tiene menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia puede tener actividad xilanasa cuando se proporciona como una secuencia contigua. La xilanasa desvelada que tiene menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia puede tener actividad xilanasa después del corte y empalme cuando se proporcionan como secuencias en una xilanasa modificada por una inteína. La cantidad de actividad xilanasa puede ser la de una variante. La xilanasa desvelada que tiene menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia y la actividad de xilanasa puede estar en un procedimiento, una planta transgénica o una secuencia de aminoácido que se desvela en el presente documento. Puede proporcionarse un ácido nucleico desvelado que codifique la xilanasa que tiene menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia y actividad xilanasa. El ácido nucleico puede proporcionarse en una divulgación de un procedimiento, planta transgénica o secuencia de ácido nucleico del presente documento.

Como se desvela, se puede proporcionar una xilanasa modificada por una inteína o una inteína en la que la secuencia de inteína tenga menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia. La inteína desvelada puede tener actividad de corte y empalme. La cantidad de actividad de corte y empalme puede ser la de una variante. Una inteína desvelada que tenga menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia y que tiene actividad de corte y empalme se puede proporcionar en una realización de un procedimiento, planta transgénica o secuencia de aminoácido del presente documento. Se puede proporcionar un ácido nucleico desvelado que codifique la inteína que tenga menos del 100 % de identidad con una secuencia de referencia y que tenga actividad de corte y empalme. El ácido nucleico desvelado se puede proporcionar en una realización de un procedimiento, una planta transgénica o una secuencia de ácido nucleico del presente documento.

En una realización, se proporciona una semilla de una planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 17. La planta transgénica a partir de la cual se proporciona la semilla puede ser cualquier planta transgénica del presente documento, o una progenie de la misma; o que se deriva de cualquier procedimiento del presente documento. Una divulgación incluye la producción de semillas a partir de una planta transgénica que incluye producir una cualquiera de las plantas transgénicas del presente documento y recolectar la semilla de la planta transgénica o la progenie de la misma.

Pueden estar presentes una o más mutaciones de la secuencia de xilanasa o la secuencia de inteína de los ejemplos posteriores, en cualquiera de una xilanasa, partes de xilanasa de una enzima modificada por una inteína, inteína en una xilanasa modificada por una inteína, o una inteína del presente documento. Pueden estar presentes una o más mutaciones de una secuencia de xilanasa o secuencia de inteína de los ejemplos posteriores en cualquier xilanasa, partes de xilanasa de una enzima modificada por una inteína, inteína en una xilanasa modificada por una inteína o inteína codificada por uno cualquiera de los ácidos nucleicos de cualquiera de las realizaciones precedentes.

La introducción de enzimas que degradan la pared celular modificadas por una inteína en las plantas puede utilizarse para crear características de procesamiento celulósico valiosas que ayuden a afrontar los costes de pretratamiento, costes de enzimas y desafíos en la capacidad de producción de enzimas, a la vez que hace posible la producción de biocombustibles a partir de biomasa no alimentaria. Como se muestra en el presente documento, las plantas que expresan una enzima iXynB no tienen el fenotipo de semilla arrugada que se encuentra en las plantas de maíz transgénicas que expresan la XynB nativa de tipo silvestre (SEQ ID NO: 20). Tras la cosecha de las plantas, las enzimas modificadas con una inteína aún proporcionan niveles de actividad tras un tratamiento con calor que eran lo suficientemente altos como para mejorar significativamente la hidrólisis del forraje de maíz, con o sin el uso de una xilanasa externa, en comparación con el forraje de maíz de tipo silvestre (AxB). Dichas características de procesamiento de las plantas pueden ser particularmente valiosas si pueden reducir o eliminar el coste de las enzimas (estimado en más de 1,89\$/l) (Lebler, 2010), reducir los costes de pretratamiento (estimados en 1,14\$/l) (Mosier y col., 2005), y ayudar a reducir la necesaria planificación de la capacidad de producción enzimática que sería necesaria para igualarse con los combustibles celulósicos renovables convencionales.

Realizaciones adicionales incluyen las que se forman leyendo cualquiera de las reivindicaciones dependientes del listado de reivindicaciones posterior que dependen de cualquiera o más de las reivindicaciones precedentes e incluyen su reivindicación de base independiente.

Las divulgaciones adicionales incluyen las que se pueden formar suplementando cualquier realización con uno o más elementos de cualquiera o más de otras realizaciones del presente documento.

Ejemplos Los siguientes ejemplos no limitantes se proporcionan para ilustrar realizaciones particulares. Las divulgaciones a lo largo del presente documento se pueden suplementar con uno o más detalles de uno cualquiera o más de los ejemplos posteriores.

Los números de posición de XynB a los que se hace referencia en el presente documento son con respecto a la secuencia nativa, que incluye un péptido de señal de 24 aminoácidos (SEQ ID NO: 39); la posición 1 en SEQ ID NO: 19 se cuenta como la posición 25. Con esta numeración S158, que se muestra subrayado a continuación, aparece en la posición 134 de SEQ ID NO: 19.

**QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRTGK  
KYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNWRPPG  
ATSLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRTSGTVTVTDHF  
RAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSGSSGGSSGSTTTTR  
IECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPA SRNYNFR LRGC GNNN  
NLARVDLRIDGRTVGTFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGSHTVEITVTADNGTWDV  
YADYLV IQ (SEQ ID NO: 19).**

Los números de posición de mutaciones en la inteína Tth a los que se hace referencia en el presente documento, se numeran basándose en la secuencia nativa de inteína Tth (SEQ ID NO: 34) incluso en el contexto de un contexto de proteína más grande modificada con una inteína. Por ejemplo, una mutación en R51 se refiere a una mutación en la Arg 41 de la SEQ ID NO: 34 incluso si la secuencia de inteína Tth o una parte de la misma está en otra proteína.

Ejemplo 1 Para mejorar la digestibilidad del forraje de maíz, se desarrolló una xilanasa modificada por una inteína. Se clonó el gen de xilanasa termoestable de *Dictyoglomus thermophilum* (xynB) en un vector de expresión lambda. Para generar una XynB con una actividad hidrolítica regulada, durmiente, se insertó la secuencia codificante de la

inteína termoestable, *Thermus thermophilus*, Tth-HB27 DnaE-1 (Tth), en el *xynB* directamente corriente arriba de codones seleccionados de cisteína (C), serina (S), o treonina (T). En total, la secuencia codificante de la inteína Tth se insertó en 23 sitios individuales (un C, ocho S, y 14 T) de *xynB*, dando como resultado 23 genes *xynB* diferentes modificados con inteína Tth. Estos sitios se seleccionaron de entre 82 sitios C, S, T posibles en XynB debido a que abarcaban el dominio catalítico de la enzima y residían primariamente entre los restos catalíticos de la secuencia primaria de la enzima (E118 y E208). En referencia a la FIG. 1A, se cultivaron células de *E. coli* transfectadas con el fago lambda que codifica *xynB* en placas de agar de diagnóstico que contenía un sustrato de xilano insoluble (xilano AZCL, Megazyme) Los halos azules que se desarrollaban en y alrededor de las placas eran indicativos de actividad hidrolítica. Se utilizaron cuatro diluciones 10 x en serie de los fagos que expresaba la XynB nativa, no xilanasa (pBluescript, pBS), iXynB S158, iXynB S158-30, o iXynB T134-195, para transfectar células de *E. coli* XL1-Blue MRF' y se colocaron en placas en cuadrantes sobre placas NZY que contenían IPTG y xilano AZCL. La iXynB S158 se derivó insertando la inteína Tth (SEQ ID NO: 34) en la XynB (SEQ ID NO: 19) adyacente a S158.

La iXynB Tth S158-30 es un derivado mutante de iXynB S158, mientras que iXynB 134-195 es un derivado mutante de la inserción de la inteína Tth en XynB antes de T134. Se incubaron placas por repetido durante una noche a 37 °C, y se continuó cada una durante 2 horas de incubación a 37 °C o 50 °C o 70 °C. Las placas que expresaban estos genes se exploraron en cuanto a su actividad termorregulada. Dependiendo del sitio de inserción, la inteína Tth afectaba diferencialmente la actividad de XynB y las placas se puntuaron de acuerdo con su actividad, según se evidenciaba por el desarrollo del color azul ("fenotipo de placa"). Las placas se definieron como "permisivas" si se volvían azules espontáneamente sin tratamiento con calor (37 °C o menos), "de cambio" si se volvían azules solo tras incubar las placas a una temperatura elevada (50 °C, 60 °C, 65 °C, o 70 °C), o "no permisivas" si las placas permanecían transparentes bajo todas las condiciones. Las placas que expresaban la XynB modificada por una inteína (iXynB) se clasificaron de acuerdo con el sitio de inserción + 1: permisivas (S63, S112, S135, S170, S174, S178, C206), no permisivas (T113, T140, T145, T151, T152, T164, T180, T182, T184, T199 y T204) y de cambio (S124, T134, S158, T173, T177). La inserción de inteína Tth antes de una cisteína o serina daba como resultado más a menudo un fenotipo permisivo o de cambio, mientras que la inserción antes de una treonina creaba más a menudo un fenotipo no permisivo, sugiriendo que un resto C+1 o S+1 favorece el corte y empalme de inteína Tth en XynB.

Para desarrollar una iXynB termorregulada con una robusta actividad regulada por la temperatura, se exploraron bibliotecas de iXynB Tth mutagenizadas en los sitios de inserción T134 y S158, utilizando la exploración en placas de agar de diagnóstico, como se ha descrito anteriormente. Estos sitios se seleccionaron debido al cambio de su fenotipo de placa con la inteína Tth de tipo silvestre y debido a que producían una iXynB estable que se detectaba fácilmente en una transferencia de western. Se exploraron aproximadamente  $2,5 \times 10^6$  placas que representaban tres bibliotecas mutagenizadas independientemente en el sitio T134. En el sitio S158, se exploraron unas  $3,5 \times 10^6$  placas que representaban cuatro bibliotecas mutagenizadas independientemente. La frecuencia de placas con una mejora reproducible del fenotipo de cambio era aproximadamente del 0,01 % en el sitio T134, y del 0,004 % en el sitio S158. Se rescataron los fagémidos de las placas que daban como resultado un fenotipo de cambio reproducible y se ensayaron en un ensayo de actividad para medir como afectaba el pretratamiento de temperatura a la actividad de los mutantes iXynB Tth aislados. En estos ensayos, se trataron con calor los lisados celulares con varias temperaturas (25 °C-65 °C) en ausencia de sustrato de xilano, se enfriaron en hielo, y luego se ensayaron en cuanto a su actividad hidrolítica a 37 °C utilizando xilano AZCL. El tratamiento con calor inicial que se llevó a cabo en ausencia de sustrato distinguía el efecto del tratamiento con calor sobre el corte y empalme de inteína del efecto que hubiera tenido la temperatura elevada sobre la actividad específica de la enzima.

Para cada clon que se evaluó, se calculó la inducción de plegamiento, FI, como la relación de actividad en caliente dividida por la actividad sin calor; una FI de uno significaría que no se produjo inducción, una FI < 1 indicaría una disminución de la actividad enzimática después del calentamiento, una FI > 1 indicaría un aumento de la actividad termorregulada por el tratamiento con calor. La FI de la XynB de tipo silvestre no se alejaba significativamente de la unidad, mientras que se observaron aumentos de la FI en las XynB mutantes, demostrando que la inserción de la inteína era responsable de la termorregulación, y que esta propiedad no era inherente a la XynB nativa. Para desarrollar una actividad termorregulada mejorada, los clones se seleccionaron basándose en la FI y se utilizaron en múltiples rondas de mutagénesis. En referencia a la FIG. 1B, se comparó la termorregulación de diferentes mutantes en el programa de exploración. La actividad se midió y se comparó entre muestras tratadas con calor alto (59 °C durante cuatro horas) y bajo (37 °C durante cuatro horas). Los candidatos iXynB Tth mutagenizados se evaluaron con un ensayo de cambio en el que se calentaron alícuotas de lisado durante 4 horas a 37 °C (barra de la izquierda en cada par de barras sobre de cada etiqueta de muestra) o 59 °C (barra derecha en cada par de barras sobre cada etiqueta de muestra) sin sustrato, se enfriaron en hielo y se incubaron con xilano AZCL a 37 °C durante 2 horas. Se midió la absorbancia del producto a 590 nm. Se utilizó el lisado de las células transformadas con pBS, y de las células que expresaban XynB como controles. Para los candidatos iXynB Tth, la FI calculada variaba desde 1,5-9, mientras que para la enzima XynB de tipo silvestre era de 0,8-1,2.

En referencia a la FIG. 1C, se estableció la temperatura del tratamiento con calor y el tiempo que producían la FI máxima siguiendo el trascurso del corte y empalme de inteína utilizando el ensayo de actividad. Los lisados celulares bacterianos de varios candidatos o no se calentaron (muestras de control a 25 °C) o se calentaron a 37 °C, 50 °C y 59 °C durante 1, 4 y 6 horas sin sustrato. Las muestras se enfriaron en hielo y luego se incubaron con xilano AZCL a 37 °C durante 2 horas. El producto hidrolizado se midió a una absorbancia a 590 nm. El lisado de las células

transformadas con pBS y XynB nativa se utilizaron como controles. En el panel de una hora, las muestras aparecen de arriba a abajo como XynB, T134-1065, T134-1101, S158-3110, S158-3108, y pBluescript. En el panel de cuatro horas, las muestras aparecen de arriba a abajo como XynB, T134-1101, T134-1065, S158-3110, S158-3108, y pBluescript. En el panel de seis horas a 50 °C, las muestras aparecen de arriba a abajo como XynB, T134-1101, T134-1065, S158-3110, S158-3108, y pBluescript. Como se muestra en la FIG. 1C, la mayoría de los candidatos alcanzaban un pico de actividad aproximadamente a las 4 horas y 59 °C. En algunos candidatos, la actividad máxima recuperada de iXynB alcanzaba  $\geq 60\%$  que la XynB nativa, mientras que la actividad de la línea base (37 °C, 4 horas de tratamiento con calor) era  $\leq 10\%$ . El tratamiento con calor sobrepasando el tiempo de calentamiento o temperatura óptimos a menudo reducía la actividad por debajo de la inducción de plegamiento (FI) óptima.

En referencia a la FIG. 1D, el transcurso de la FI se correlacionaba con el transcurso del corte y empalme de la inteína en candidatos que se seleccionaron para investigar si el corte y empalme de la inteína podía producir la actividad termorregulada de xilanas. Se utilizó una transferencia de western para evaluar los candidatos iXynB Tth con el corte y empalme de inteína. La FIG. 1D ilustra una transferencia representativa de S158-3103 después del tratamiento con calor del lisado a 37 °C, 50 °C, 59 °C y 65 °C durante 1, 2, 4, 8 y 16 horas. La muestra no calentada y el lisado de las células transformadas con pBluescript (pBS) y la XynB nativa se utilizaron como controles. Las flechas indican el candidato iXynB S158-3103 (proteína precursora) y la XynB madura (proteína madura) con el corte y empalme de inteína. Los lisados celulares se calentaron durante diferentes tiempos y temperaturas, y se analizaron por transferencia de western utilizando un anticuerpo anti-XynB. La FIG. 1D muestra la acumulación progresiva de la proteína madura durante el tratamiento con calor y una disminución proporcional del precursor iXynB Tth, lo que es consistente con el corte y empalme inducible por calor. De los 103 candidatos ensayados, 76 mostraban corte y empalme inducido por calor que se correlacionaba con actividad enzimática inducible por calor en las condiciones ensayadas.

Se examinaron las secuencias para entender mejor la base molecular de la actividad termorregulada y el corte y empalme de los clones iXynB Tth. Se examinaron las secuencias de 67 candidatos con una FI  $\geq 3$  que presentaban una proteína precursora detectable de las muestras sin calentar y XynB madura cortada y empalmada de las muestras calentadas, en una transferencia de western. En referencia a la FIG. 2A, se observaron múltiples mutaciones, pero todos estos candidatos compartían mutaciones en uno de cuatro aminoácidos. Los cuatro aminoácidos se recuperaron con una alta frecuencia en los candidatos mutados y cada uno era suficiente para el corte y empalme sensible a la temperatura de la inteína. Dos mutaciones (R51 y P71) se producían en la inteína y dos mutaciones (S135 y P136) se producían hacia el extremo C de la exteína cerca del sitio de inserción de la inteína. La mutación R51 se recuperó solo en los candidatos en los que se había insertado la inteína Tth antes de S158 de la XynB, las otras tres mutaciones se recuperaron solo en los candidatos en los que se había insertado la Tth enfrente de T134 de la XynB. Las secuencias de exteína T134 están subrayadas y en negrita, las secuencias de exteína S158 están subrayadas, y las mutaciones clave están subrayadas, en negrita y en cursiva (la primera R en GVREVVRL, la segunda P en VLTPDHPL, y la S en SLGQ). La numeración 1-423 corresponde a la inteína, con el primer aminoácido cisteína como número uno, y la última asparagina con el número 423. El sitio de inserción de aminoácidos, T134 y S158, se resaltan con superíndices que indican el número de aminoácido en la XynB nativa. Las mutaciones que se observan en la inteína, como se hace referencia a partir del primer aminoácido de la inteína Tth, eran R51 G (recuperada 16 veces o 16x) o R51 S (4x) cuando se insertaban en el sitio S158; mientras que se encontraron P71L (7x), P71T (2x), o P71Q (1x) cuando la inteína Tth se insertaba en el sitio T134. El resto de mutaciones, S135V (11x), S135G (1x), o inserción P136 (24x), se encontraron hacia el extremo C de la exteína (posición +2 y +3, respectivamente) cuando la inteína Tth se insertaba en el sitio T134 de XynB. Como control para ver si cualquiera de estas mutaciones se producían en candidatos que no mostraban corte y empalme termorregulado, se secuenciaron más de 30 clones aleatorios con FI  $< 2$  y aunque se identificaron otras mutaciones, ninguno de los clones aleatorios tenían mutaciones en R51, P71, S135, o una inserción P136. Además, los candidatos que portaban mutaciones en una de las cuatro posiciones conservadas se recuperaron independientemente de siete materias primas de inteína mutagenizada distintas que se utilizan para producir las bibliotecas de iXynB, como argumento contra que sea una tendencia potencial debido a los efectos de clonación y amplificación por PCR.

Se llevó a cabo la mutagénesis dirigida al sitio para ensayar adicionalmente la importancia de estos aminoácidos en la termorregulación de la actividad de iXynB Tth y el corte y empalme. Cuando cada una de las mutaciones R51G, R51S, P71L, P136 (inserción) se insertaron en otra iXynB no mutagenizada de otra manera, la actividad termorregulada aumentaba (FI  $\geq 2$ ) y se observaba el corte y empalme de la inteína. Entre todas las combinaciones de mutaciones que se ensayaron, las únicas mutaciones que presentaban una FI  $\geq 3$  eran mutaciones R51G cuando la Tth se insertaba en S158, y la inserción P136 cuando la Tth se insertaba en T134.

Para los candidatos iXynB Tth que poseían actividad termorregulada y corte y empalme de inteína utilizando el sitio de inserción T134, las mutaciones S135 y P136 se produjeron hacia el extremo C de la exteína adyacente a la unión del corte y empalme (posición +2 y +3, respectivamente), consistente con el hallazgo de que los aminoácidos de la exteína en la vecindad afectan la actividad de la inteína (Amitai y col., 2009). Por el contrario, las mutaciones R51 y P71 residen en la inteína, lejos de sus sitios de corte y empalme en la cadena proteica primaria (FIG. 2A). En referencia a la FIG. 2B, que muestra una estructura secundaria prevista de inteína, R51 y P71 se sitúan ambas en estrecha proximidad con la unión inteína-exteína con R51 a 3,3 angstroms del resto del extremo amino de la inteína insertada, mientras que la P71 se encuentra a 5,6 angstroms del resto del extremo carboxilo de la inteína. En la FIG.

2B, un modelo estructural de la inteína Tth muestra la posición de los aminoácidos clave en relación con la unión de corte y empalme. R51 (referencia 240, a la izquierda del centro de la figura) está en estrecha proximidad con C1 (referencia 230, a la derecha de R51 en la figura) el primer aminoácido de la inteína Tth. P71 (carácter de referencia 210, arriba en el centro de la figura) está en estrecha proximidad con N423 (referencia 220, cerca del centro en la figura) y el último aminoácido del extremo C de Tth. Tanto R51 como P71 están alineados cerca de los aminoácidos que están directamente implicados en el corte y empalme de inteína. El posicionamiento espacial de estas mutaciones en la estructura plegada prevista de los precursores de iXynB pueden capacitarles para que interactúen con los aminoácidos del sitio de unión de manera termorregulada. La colocación de la mutación R51G en la inteína Tth insertada en la posición T134, o la introducción de la P71L en la inteína Tth insertada en el sitio S158 da como resultado la pérdida del cambio inducible por el calor y el corte y empalme (datos no mostrados), sugiriendo que las mutaciones de inteína y la funcionalidad son específicas del contexto. La combinación de dos mutaciones, R51G y P71L, en una inteína también da como resultado la pérdida del cambio inducible por calor y el corte y empalme en ambos sitios.

En referencia a la FIG. 3, los análisis adicionales de la estructura cristalina de XynB revelaron que el resto T134 se localiza en la superficie, aproximadamente a 17,4 angstroms del agrupamiento de los restos más cercanos al sitio activo de XynB, mientras que el resto S158 se localiza directamente en la parte superior del agrupamiento y solo a 8,2 angstroms del sitio activo. En la FIG. 3 las bolas T34 y S158 representan los sitios de inserción de la inteína Tth en XynB, mientras que la bola 300 indica el resto más cercano al sitio activo de XynB. Indica el sitio de unión al sustrato en XynB. La distancia del resto T134 al sitio activo sugiere que una inserción de inteína solo puede bloquear parcialmente la unión al sustrato, mientras que la inserción antes del resto S158 podría imponer un bloqueo casi completo de la unión al sustrato. Las actividades mucho más bajas de la línea base de los candidatos S158 en comparación con las de los candidatos T134 (FIG. 1B) son consistentes con esta hipótesis.

Para ensayar la utilidad de la iXynB termorregulada como un característica del procesamiento celulósico, la enzima durmiente precursora de iXynB se expresó en maíz, fusionada con una secuencia de señal de alfa amilasa de cebada (BAASS) para dirigirla a la pared celular (Rogers, 1985), a partir del gen promotor constitutivo Ubi3 de arroz (Sivamani y Qu, 2006). En plantas transgénicas que expresaban la XynB nativa, se observó un fenotipo muy arrugado de las semillas, mientras que dicho fenotipo no se encontró en plantas que expresaban iXynB. Las plantas transgénicas que expresaban la XynB nativa y la iXynB se cruzaron con líneas de maíz de tipo silvestre (AxB). En referencia a la FIG. 4A, las mazorcas de las plantas que expresaban la XynB nativa se desarrollaban pobremente, portando granos que se segregaban en fenotipos arrugado (el 55,3 % de los granos,  $57 \pm 28$  mg por grano) y normal (el 44,7 % de los granos,  $184 \pm 39$  mg por grano). Este fenotipo segregado con presencia del transgén en el 83 % de los casos se determinó por genotipado basado en PCR. La FIG. 4A ilustra experimentos en los que las semillas de plantas transgénicas que expresan la XynB nativa ( $n = 535$ ) y la iXynB Tth ( $n = 610$ ), y de tipo silvestre (AxB,  $n = 269$ ) se puntuaron como normales o arrugadas. Se calculó la fracción de semillas normales y arrugadas, sobre el total de semillas.

En referencia a la FIG. 4C, se evaluó la biomasa de las semillas. Las semillas que expresaban la XynB nativa (arrugadas), iXynB (normales), y tipo silvestre (AxB, normales) se puntuaron según la presencia o ausencia del transgén y se pesaron. La masa media por semilla se representó gráficamente. Al contrario que en las plantas que expresaban la XynB nativa, que se han descrito anteriormente, las plantas que expresaban la iXynB producían mazorcas normales con granos normales (un 88,3 % de los granos,  $174 \pm 49$  mg por grano), al igual que las plantas de control AxB (el 96 % de los granos,  $170 \pm 69$  mg por grano). En referencia a la FIG. 4D, se evaluó la germinación de las semillas. Las semillas ( $n = 12$ ) de plantas que expresaban la XynB nativa, la iXynB Tth y de plantas de tipo silvestre (AxB) se dejaron germinar en papel húmedo y se puntuaron las semillas germinadas. Las semillas transgénicas que codifican la XynB nativa germinaban pobremente (un 8,3 %) en comparación con las semillas transgénicas que codificaban iXynB (un 91,7 %), o las de tipo silvestre (AxB) no transgénicas (un 83,5 %). En referencia a la FIG. 4E, se evaluó la morfología de las semillas. Las semillas 410 de plantas transgénicas que expresaban XynB nativa y las semillas 420 de plantas transgénicas que expresaban iXynB se compararon con las semillas 430 de las plantas de control (AxB). Todas las semillas se fotografiaron con la misma magnificación. Como se muestra, las semillas que expresaban XynB estaban arrugadas, mientras que las semillas que expresaban iXynB eran normales.

En referencia a la FIG. 4B, las semillas se puntuaron por la presencia o ausencia del transgén y se ensayaron tres semillas de cada clase en cuanto a la actividad de xilanasa. La actividad media de xilanasa se representó gráficamente. La actividad de xilanasa era detectable en los extractos proteicos de los granos arrugados que poseían el gen *xynB*, mientras que los granos de tipo silvestre de la misma mazorca no tenían actividad. Los granos que portaban el gen iXynB parecían normales, pero después de un tratamiento con calor a 60 °C presentaba actividad de xilanasa ( $13.638 \pm 794$  µg RBB/mg de proteína/180 minutos; véanse los procedimientos suplementarios en línea) con niveles comparables a los de los granos arrugados de las plantas que expresaban XynB nativa ( $8.793 \pm 489$  µg RBB/mg proteína/180 minutos).

En referencia a la FIG. 5A, se evaluó la actividad de xilanasa en el forraje de maíz. Se suspendieron las muestras de forraje (15 mg) de plantas transgénicas que expresaban XynB e iXynB, y plantas de tipo silvestre (AxB), en 500 µl de tampón de extracción proteico, y luego se incubaron a 60 °C durante 4 horas con un comprimido de xilazyme (Megazyme). Las reacciones por triplicado se pararon añadiendo 1 ml de base Tris al 2 %, entonces se leyó la

absorbancia a 590 nm de 10 ml de cada reacción en 90 ml de agua. La media de las tres plantas con expresión más alta se representó gráficamente. La iXynB se ensayó como la base para una característica del procesamiento celulósico en la hidrólisis de forraje de maíz transgénico, seco. Las muestras de forraje de múltiples casos transgénicos se ensayaron en cuanto a la actividad xilanasa y se seleccionaron los que mostraban una actividad xilanasa representativa.

En referencia a la FIG. 5B, se analizó la liberación de glucosa a partir del forraje de maíz. Tras un único pretratamiento con agua de las muestras de forraje de maíz, se hidrolizaron los sólidos utilizando cócteles de enzimas, con o sin una xilanasa (50 °C durante 48 horas), tras lo cual se determinó el rendimiento en glucosa. En particular, el forraje de maíz (20 mg) de las plantas que expresaban XynB e iXynB, y plantas de tipo silvestre (AxB) se trataron con calor y se midió la liberación de glucosa (g/100 g de forraje de maíz) tras la incubación con cócteles de enzimas con (coctel con xilanasa externa) y sin (coctel sin xilanasa) adición externa de xilanasa. Las muestras de forraje que expresaban la XynB nativa o la iXynB Tth mostraban una hidrólisis mejorada en comparación con el forraje de control de las plantas de tipo silvestre (AxB). Mientras que la xilanasa externa (0,3 µM) mejoraba el rendimiento de glucosa un 23,0 % en las plantas de tipo silvestre (AxB), el forraje de las plantas iXynB tenía una liberación de glucosa mejorada con respecto a las plantas de tipo silvestre (AxB) de más del 41 %, con o sin el uso de una xilanasa externa (0,3 µM). Los aumentos de la producción de glucosa durante la hidrólisis se correlacionan por lo tanto con la actividad de xilanasa presente en las muestras de forraje que se utilizaron. La enzima modificada por una inteína rescataba y protegía el fenotipo de la semilla, evitando de esta manera la pérdida de granos, y manteniendo la actividad de xilanasa en las semillas y el forraje. La actividad de xilanasa se podía recuperar tras el tratamiento con calor. Estos resultados muestran que se puede proporcionar una iXynB como una característica de procesamiento celulósico y como un nuevo procedimiento para controlar la actividad enzimática DPC.

Ejemplo 2 El *xynB* de xilanasa, sin su péptido de señal nativo, y las regiones codificantes de inteína Tth-HB27 DnaE1 se optimizaron por codón para la expresión en maíz (Codon Devices, Cambridge, MA). La inteína se insertó en el gen diana por PCR de solapamiento de la N-exteína, inteína, y fragmentos de exteína hacia el extremo C de exteína. Para la mutagénesis, se amplificaron 5 µg de plásmido ADN que codificaba las secuencias diana en 10 ciclos PCR utilizando el kit de mutagénesis aleatoria GeneMorph II (Stratagene). Se digirieron los productos PCR y se ligaron en el vector lambda ZAPII precortado. El empaquetamiento y manejo del fago se llevaron a cabo de acuerdo con los protocolos del fabricante (Stratagene). Las células XL1-Blue MRF' infectadas con el fago se cultivaron en placas NZY que contenían IPTG (2,5 mM) y sustrato de xilano AZCL de avena al 0,2 % (Megazyme).

Ejemplo 3 Se llevaron a cabo ensayos de actividad de xilanasa con los fagémidos clones rescatados en células de *E. coli* SOLR (Agilent Technologies). Los cultivos de una noche se cultivaron en placas de 96 pocillos en AIM (Novagen) y se lisaron en tampón de lisis FastBreak 1x (Promega). El lisado se centrifugó, se trató con calor, y luego se enfrió en hielo. Tras la incubación con xilano AZCL (a 37 °C) se midió la actividad de xilanasa a 590 nm en un lector de placas Paradigm. Los datos se presentan como la media y d.e. de la transferencia de Western siguiendo los procedimientos convencionales.

Ejemplo 4 Se generaron modelos estructurales de la iXynB Tth insertando el modelo de homología de la inteína Tth en una estructura cristalina de rayos X del dominio catalítico de XynB (pdbID 1f5j) utilizando el módulo de inserción de dominios de Rosetta ++ v2.3 (Berrondo, M., y col., 2008; Rohl y col., 2005; Rohl y col., 2004; Kuhlman, y col., 2003).

Ejemplo 5 Los vectores de expresión en plantas se basaban en el sistema "súper-binario" (Hiei y col., 1994; Ishida y col., 1996; Hiei y col., 2006; Komari y col., 1996, y se transformaron en maíz como se ha descrito (Negrotto, D., Jolley M., Beer S., Wenck A.R., Hansen G. The use of phosphomannose isomerase as a selectable marker to recover transgenic maize plants (*Zea mays* L.) via *Agrobacterium* transformation. Plant Cell Reports (2000)19:798-803, que se incorpora en el presente documento por referencia como si se expusiera completamente). Se produjo la germinación en papel húmedo. Se llevó a cabo la hidrólisis del forraje utilizando un procedimiento de tres etapas que incluía un pretratamiento de 16 horas en agua a 55 °C, una autólisis de 24 horas a 55 °C, y una incubación de 48 horas en cócteles de enzimas con o sin la adición de xilanasa a 50 °C. Se cuantificó la liberación de glucosa como se ha descrito (NREL Laboratory Analytical Procedure (LAP) technical report (NREL/TP-510-42623): A. Sluiter, B. Hames, R. Ruiz, C. Scarlata, J. Sluiter, y D. Templeton, "Determination of Sugars, Byproducts, and Degradation Products in Liquid Fraction Process Samples").

Ejemplo 6 Clonación y expresión de xilanasa. La xilanasa de *Dictyoglomus thermophilum* (número de registro P77853) se optimizó con codón de maíz, se sintetizó (Codon Devices) y se amplificó por reacción en cadena de la polimerasa (PCR). La secuencia de la P77853 optimizada por codón de maíz se expone posteriormente. El gen *xynB* que codifica la proteína XynB nativa, sin los nucleótidos que codifican los aminoácidos 2-24 del péptido de señal del extremo N, se clonaron en los sitios EcoRI y XhoI del vector ZAP® II lambda siguiendo el protocolo del fabricante (Stratagene). Las células de *E. coli* XL1-Blue MRF' se colocaron en placas de agar NZY que contenían 2,5 mM de IPTG (Research Products International, Corp.) y un 0,2 % de sustrato de xilano AZCL de avena. Tras una incubación de una noche a 37 °C, las placas se inspeccionaron visualmente en cuanto al desarrollo de color azul en y alrededor de las placas de fagos, lo que indicaba la actividad xilanasa.

**Secuencia de XynB (P77853) de maíz optimizada por codón. (SEQ ID NO: 31)**

ATGCAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTT  
 ACTATTACGAACCTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACAC  
 TCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTAGG  
 ACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGGATCA  
 CGTACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACTCCTACTTGTGTATCTATGG  
 CTGGTCTACCAACCCATTGGTTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTGGGGGAAC  
 TGGAGACCGCCTGGTGGCACGTCCCTGGGCCAAGTGACAATCGATGGCGGG  
 ACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTCCATTGTGGGGA  
 CAGCCACGTTTCGATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGG  
 AACAGTGACCGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACCGGGGGCCTGAA  
 CCTCGGCACAATAGACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCT  
 GGATCAGCCAACATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCA  
 GTTCGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAA  
 CATGTCCTTGTCCGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATGGTA  
 TTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTACCGTTAACTTCCCCGC  
 AAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTTGCGGCAACAACAATAATCTT  
 GCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTTCGGGACCTTTTATTACC  
 AGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTATGTCAGTGCGGG  
 GAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGGCACATGGGACGTG  
 TATGCCGACTACCTGGTGATACAGTGA

Los lisados de fago se produjeron utilizando las células de *E. coli* XL1-Blue MRF' siguiendo el protocolo convencional (Stratagene). La actividad xilanasas de cada uno de los lisados se midió o bien utilizando el kit Enzchek® (Invitrogen™) o añadiendo un sustrato de xilano AZCL al 0,2 %, incubando a 37 °C durante hasta 4 h, y midiendo la absorbancia a 590 nm.

Ejemplo 7 Inserción de inteína Tth en *xynB*. La inteína Tth de *T. thermophilus* se optimizó con el uso del codón de maíz (SEQ ID NO: 32, posteriormente), se sintetizó (Codon Devices), y se insertó en *xynB* en el lado 5' de los codones seleccionados de cisteína, serina, o treonina utilizando PCR de solapamiento. En resumen, tres porciones de ADN que representaban la parte N de la exteína (N) y la parte C de la exteína (C) de *xynB*, y la inteína Tth (I), se amplificaron por PCR utilizando cebadores que solapaban los fragmentos de ADN adyacentes. Estas porciones individuales de ADN se ensamblaron entonces en una única reacción PCR utilizando un cebador directo de exteína N y un cebador inverso de exteína C para generar construcciones del gen *xynB* modificadas con inteína (a las que se hace referencia en el presente documento como NIC). El extremo 5' del cebador de exteína N XynB incluía el sitio de restricción EcoRI y el cebador inverso exteína C XynB incluía el sitio de restricción XhoI. Las NIC se purificaron en gel utilizando un kit de extracción en gel QIAquick (Qiagen), se digirieron con las enzimas de restricción EcoRI y XhoI (New England Biolabs), el fragmento de ADN resultante se purificó en gel utilizando el kit de extracción en gel QIAquick (Qiagen). La NIC purificada se unió en los sitios EcoRI y XhoI del vector ZAP® II precortado y se empaquetaron en el fago con un paquete de extracto siguiendo el procedimiento del fabricante (Stratagene).

**Secuencia de inteína Tth (SEQ ID NO: 32):**

TGCCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTC  
 CCTATCGAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGAAGTTTTCTCCTTGGGACCTGATT  
 ACAGACTGTATCGGGTGCCCGTTTTGGAGGTCCTTGAGAGCGGGGTTAGGG  
 AAGTTGTGCGCCTCAGAACTCGGTCAGGGAGAACGCTGGTGTGACACCAGA  
 TCACCCGCTTTTGACCCCCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGCTT  
 GGAACCTCAATTGCAGTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGGCCACTTGGCCC  
 CACCTGAAGAACGTGTTACGCTCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGGGAACAC  
 AAAGCTGTCGGGTCGGAGAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACAGCAAA  
 GACCCCGAATTGCTCGCGGCTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAA  
 AAGGTGAAAGCATACGTCCACCCGACTACGGGGGTGGTTACACTCGCAACCCT  
 CGCTCCACGTCCTGGAGCTCAAGATCCTGTCAAACGCCTCGTTGTGAGGGCG  
 GGAATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGAAGAGGGTCCCGGAGGAGGTGTTTCGT  
 TACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCTTGGGCGGTTTGTCTCGACAGACG  
 GCTCTGTTGAAAAGAAGAGGATCTCTTATTCAAGTGCCAGTTTGGGACTGGC  
 CCAGGATGTCGCACATCTCTTGCTGCGCCTTGGAATTACATCTCAACTCCGTT  
 CGAGAGGGCCACGGGCTCACGAGGTTCTTATATCGGGCCGCGAGGATATTTT  
 GCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCCTACCTCTTGGGGGCCAAGAGGGAGAGA  
 CTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGGCCCCGAGGCGTTTGCCTGGACAGGGATGG  
 CACTTGCGGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGTGAGCGAGGCTAAAA  
 GGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCGGCGCGTTCGCAGTTGCGG  
 GATCGTGTTTGTCATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCCAGACGCTACCTTTCT  
 CGGCACCGGTTGTCGCTGCTCGGTGAGGCTTTTGCCGACCCTGGGCTGGAA  
 GCGCTCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGGACCCTATTGTTGCTGTGCAACCGG  
 CCGGTAAGGCGAGAACATTCGACTTGCGCGTTCACCCCTTTGCAAACCTTCGT  
 GAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAAC

Ejemplo 8 Exploración en placa de diagnóstico de la actividad de xilanas. Se colocaron en placas células XL1-Blue MRF<sup>+</sup> infectadas con fago ( $2 \sim 4 \times 10^9$  ufp/150 mm de placa) en placas de agar NZY que contenían un 0,2 % de xilano AZCL y 2,5 mM de IPTG. Tras una incubación de una noche a 37 °C, se puntuaron las placas en cuanto a la actividad de xilanas (que se manifiesta con el desarrollo de color azul en y alrededor de las placas), luego se incubaron las placas a 70 °C durante hasta seis horas para identificar placas que expresaban xilanas modificada por una inteína termorregulada (véase la FIG. 1A). Basándose en el desarrollo del color azul, cada placa se categorizó de la siguiente manera: permisiva (azul a 37 °C), no permisiva (sin color) y de cambio (azul solo tras la exposición a 70 °C). En consecuencia, la respectiva inserción de inteína en la xilanas se categorizó como:

5 *permisiva* (la inserción de inteína no interfiere con la función proteica, o la inteína se corta y empalma durante la incubación de una noche a 37 °C), *no permisiva* (la inserción de inteína interfiere con la función proteica en todas las condiciones ensayadas), o *de cambio* (la actividad no se observaba tras la incubación de una noche a 37 °C, pero se observaba actividad de xilanas tras un tratamiento adicional con calor a 70 °C).

15 Las placas candidatas que mostraban un desarrollo del color azul inducible por calor (al que se hace referencia en el presente documento como "fenotipo de cambio") se aislaron y purificaron. Se rescataron individualmente los

fagémidos de las placas candidatas purificadas con un fenotipo repetible en células de *E. coli* SOLR siguiendo los procedimientos del fabricante (Stratagene). Los candidatos se especificaron por el sitio de inserción de la inteína, tales como T134 y S158, seguido por un número para designar la mutante específica. Los mejores candidatos se analizaron utilizando un ensayo de actividad de cambio de xilanas (descrito posteriormente), transferencia de western, y análisis de secuencia de ADN.

Ejemplo 9 Ensayo de actividad de cambio de xilanas. Los cultivos que expresaban XynB nativa o la iXynB en células SOLR se inocularon a partir de una única colonia y se cultivaron en 5 ml de AIM (Novagen) suplementado con Carbenicilina (100 mg/l) y Kanamicina (50 mg/l) a 37 °C durante 10 horas y luego a 30 °C durante 6 horas en una incubadora con agitado, a 250 rpm. Se recolectaron las células a 3000 rpm durante 15 minutos, los aglomerados se resuspendieron en 250 µl de tampón de lisis que contenía 200 mM de fosfato sódico pH = 6,5, 1x de Tampón de lisis FastBreak™ (Promega), y 0,2 µl de DNasa/ml de nucleasa Benzonasa (Novagen). El lisado se diluyó 10 veces en 200 mM de tampón de fosfato sódico pH = 6,5. A partir de las diluciones, se pretrataron con calor alícuotas de 100 µl a 25 °C - 65 °C durante hasta 16 h y se colocaron en hielo. Las muestras pretratadas con calor se mezclaron con 0,2 µg de sustrato sólido de suelo fino de xilano AZCL de avena (Megazyme) y se incubaron a 37 °C durante hasta cuatro horas. Las muestras se agitaron, se centrifugaron a 4.000 rpm durante siete minutos y se midió la absorbancia de 50 µl del sobrenadante a 590 nm en un espectrofotómetro Thermo Scientific. En los ensayos de validación, se cultivaron los cultivos en placas de 96 pocillos, los ensayos enzimáticos se llevaron a cabo en placas de 384 pocillos y se leyó la absorbancia en un lector de microplacas BioTek Synergy™ Multi-mode. La actividad relativa respecto a la XynB nativa y las desviaciones estándar se calcularon a partir de los ensayos de ocho réplicas de cultivo inoculados independientemente.

Ejemplo 10 Análisis de transferencia de Western. Se cultivaron las células, se recolectaron y se lisaron como se ha descrito anteriormente. El lisado celular total se mezcló concienzudamente y se hizo una dilución 1:50 utilizando 1x PBS (137 mM de NaCl, 2,7 mM de KCl, 4,3 mM de Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, y 1,47 mM de KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> ajustado a un pH de 7,4). Se transfirieron 50 µl de cada dilución a una centrífuga estéril o un tubo de PCR y se trató con calor a las temperaturas y horas especificadas.

Ejemplo 11 Secuenciación de ADN. Toda la secuenciación de ADN la llevó a cabo Agencourt ([www.agencourt.com](http://www.agencourt.com)).

Ejemplo 12 Modelos estructurales. La estructura cristalina por rayos X del dominio catalítico de la XynB se extrajo del PDB (pdbID 1f5j). El modelo de homología de inteína Tth se generó utilizando el SwissModel (Arnold y col., 2006; Kiefer y col., 2009; Schwede y col., 2003; Guex y Peitsch, 1997; Peitsch, 1995, y la secuencia de inteína Tth de GenPept (gi: 46200108, restos 768-1190). En resumen, esta secuencia se alineó contra las secuencias de la base de datos de secuencias de la Base de datos Proteica NCBI utilizando el NCBI Blast blastp con los parámetros por defecto. Esto daba como resultado los resultados del principio y final de la secuencia.

**>pdb|2IMZ|A Estructuras relacionadas Cadena A, Estructura Cristalina del Dominio de corte y empalme de la Inteína Mtu Reca**

**pdb|2IMZ|B Estructuras relacionadas Cadena B, Estructura Cristalina del Dominio de corte y empalme de la Inteína Mtu Reca**

**Longitud=168**

**Puntuación = 64,7 bits (156), Esperada = 5e-II, Procedimiento: ajuste de matriz compuesta.**

**Identidades = 44/120 (36 %), Positivos = 57/120 (47 %), Huecos = 3/120 (2 %)**

**Consulta 2 LAEGSLVDAATGQVRPIEKVRPG—**

**MEVFSGLGPDYRLYRVPVLELVESGVREVVRLRT 58**

**LAEG+ + D TG IE V G +V+ D L+ PV+ + G R+V+LR**

**Sometida 2**

**LAEGTRIFDPVTGTTHRIEDVVDGRKPIHVVAADGTLHARPVVSWFDQGTRD**

**VIGLRI 61**

**Consulta 59**

**RSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTLA**

**LLLGD 118**

**G L TPDH+LT GW+ +L G +A P G AP RV LA L D**

**Sometida 62**

**AGGAILWATPDHKVLTEYGWRAAGELRKGDRAQPRRFDGFGDSAPIPARVQA**

**LADALDD 121**

Puntuación = 38,1 bits (87), Esperada = 0,006, Procedimiento: ajuste de matriz compuesta.

Identidades = 32/117 (27 %), Positivos = 49/117 (41 %), Huecos = 15/117 (12 %)

Consulta 313

LRLVLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRLYLSR—

5 --H 365

LR+ A+++K+ + WAG LG + PRR+

Sometida 59 LRIAGGAILWATPDHKVLTEYGWRAAGE-----

LRKGDRVAQPRRFDGFGDSAPIPA 110

Consulta 366

10 RLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLV

VH 422

R+ L +A D L + ++ + I V P +ARTFDL V V+E +VVH

Sometida 111

RVQALADALDDKFLHDMLAEELRYSVIREVLPTRRARTFDLEVEELHTLVAEGV

15 VVH 167

Debido al hecho de que no había un buen resultado del dominio de endonucleasa, la secuencia se adaptó para que se aproximase a la retirada del dominio de endonucleasa (aminoácidos 1-102, 379-423), y se alineó contra la base de datos de secuencias PDB. Esto daba como resultado alineamientos de alta puntuación de los dominios del extremo N y el extremo C de la inteína mini-RecA con la secuencia de inteína Tth.

20 >pdb|2IMZ|A Estructuras relacionadas Cadena A, Estructura Cristalina del Dominio de corte y empalme de la Inteína Mtu Reca

Longitud =168

Puntuación = 74,7 bits (182), Esperada = 1e-14, Procedimiento: ajuste de matriz compuesta.

Identidades = 54/166 (32 %), Positivos = 75/166 (45 %), Huecos = 17/166 (10 %)

25 Consulta 2 LAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPG—

MEVFSGLGPDYRLYRVPVLEVLESGVREVVRLRT 58

LAEG+ + D TG IE V G +V+ D L+ PV+ + G R+V+LR

Sometida 2

LAEGTRIFDPVTGTTHRIEDVVDGRKPIHVVAADGTLHARPVVSFWDQGTRD

30 VIGLRI 61

Consulta 59 RSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAEL-----

PVAGHLAD 104

G L TPDH+LT GW+ +L G +A P +A L D

Sometida 62

35 AGGAILWATPDHKVLTEYGWRAAGELRKGDRVAQPRRFDGFGDSAPIPARVQA

LADALDD 121

Consulta 105 PGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLVVH

150

L + ++ + I V P +ARTFDL V V+E +VVH

40 Sometida 122 KFLHDMLAEELRYSVIREVLPTRRARTFDLEVEELHTLVAEGVVH

167

Utilizando este alineamiento de secuencias se construyó un modelo de homología de Tth (sin el dominio endonucleasa) utilizando el Swiss Model. Las secuencias en la comparación anterior tienen asignados los números

de identificación de secuencia de la siguiente manera:

LAEGSLVLDAAATGQRVPIEKVRPG—

MEVFSGLGPDYRLYRVPVLELVESGVREVRLRT (SEQ ID NO: 42); LAEG (SEQ ID NO: 43);

5 LAEGTRIFDPVTGTTHRIEDVVDGRKPIHVVAANKDGLHARPVVSFWDQGTTRDVIG  
RI (SEQ ID NO: 44);  
RSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTLALLLC  
D (SEQ ID NO: 45); TPDH (SEQ ID NO: 46);  
AGGAILWATPDHKLVEYGWRAAGELRKGDRVAQPRRFDGFGDSAPIPARVQALAD  
10 ALDD (SEQ ID NO: 47);  
LRLVLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRLYLSR-----H  
(SEQ ID NO: 48); LRIAGGAILWATPDHKLVEYGWRAAGE-----  
LRKGDRVAQPRRFDGFGDSAPIPA (SEQ ID NO: 49);  
RLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLVVH  
15 (SEQ ID NO: 50); ARTFDL (SEQ ID NO: 51);  
RVQALADALDDKFLHDMLEELRYSVIREVLPTRRARTFDLEVEELHTLVAEGVVH  
(SEQ ID NO: 52); RSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAEL-----  
PVAGHLAD (SEQ ID NO: 53);  
PGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLVH (SEQ ID NO: 54);  
20 y KFLHDMLEELRYSVIREVLPTRRARTFDLEVEELHTLVAEGVWH (SEQ ID NO:  
55).

Ejemplo 13 Construcción de vectores para la transformación del maíz. La secuencia de señal de la alfa amilasa de cebada (BAASS) que se dirige a la pared celular se unió al extremo 5' de la secuencia de nucleótidos *xynB* que codifica la proteína XynB madura, utilizando PCR de fusión. La XynB nativa o la iXynB Tth se clonaron en el vector intermediario pBluescript entre el promotor Ubi3 de arroz (Sivamani y Qu, 2006) y las secuencias terminadoras nos. El casete de expresión se clonó entonces en los sitios KpnI-EcoRI de pAG2004 para generar un segundo vector intermediario capaz de recombinarse con el vector pSB1 en un cruce triparental en la cepa LBA4404 de *Agrobacterium tumefaciens* utilizando procedimientos que se han expuesto anteriormente (Hiei y col., 1994; Ishida y col., 1996; Hiei y col., 2006; Komari y col., 1996).

30 El pAG2004 (SEQ ID NO: 56) es un derivado de pSB11, que en sí mismo es un derivado de pBR322 y está disponible en Japan Tobacco. El plásmido pSB11, que se muestra en la FIG. 6, es adecuado para clonación y se puede mantener fácilmente en *E. coli*. El pSB11 se conjuga con el vector receptor pSB1 "super-binario" (un plásmido Ti desarmado), que se puede mantener en la cepa LB4404 de *Agrobacterium tumefaciens*, a través de recombinación homóloga utilizando los sitios *cos* y *ori* presentes en ambos vectores. El producto de la integración  
35 representa un vector híbrido que se puede utilizar posteriormente para la transformación de plantas. El pSB1 contiene genes de virulencia tales como virB, virC y virG necesarios para el procesamiento de T-ADN y el suministro a la célula vegetal. El pSB11 tiene múltiples sitios de clonación que contienen sitios de reconocimiento de enzimas de restricción únicas para los casetes de expresión con las secuencias genéticas diana. El pAG2004 tiene algunos sitios de restricción eliminados en comparación con pSB22, una conexión de promotor Ubi3 de arroz y PMI en HindIII-SpeI, y un sitio de clonación múltiple alterado. El vector pAG2014 (SEQ ID NO: 57) incluye la secuencia que  
40 codifica el péptido de señal de alfa amilasa de cebada (BAASS, SEQ ID NO: 33) fusionada con P77853 (SEQ ID NO: 19) que se clona en pAG2005, y pAG2029 (SEQ ID NO: 58) incluye BAASS fusionada a la secuencia que codifica P77853T134-195 (SEQ ID NO: 21).

Ejemplo 14 Fenotipo de las semillas y actividad xilanasa. La actividad de xilanasa se midió en las semillas de maíz. Las semillas individuales se pesaron, se molieron en un polvo fino (100-150 mg) y se dispensaron en pocillos individuales de un bloque de molido de 96 pocillos (Costar) cargado con bolas de acero de 5,0 mm (Abbot). Tras  
45 añadir 500 µl de solución Fast Break (Promega), se selló el bloque con un tapete (Costar), se agitó a máxima velocidad en un agitador Klecko durante 45 segundos y se centrifugó a 3200 x g durante 10 min a 4 °C. Se extrajeron entonces alícuotas de sobrenadante de 100 µl y 2 µl de cada pocillo para el pretratamiento y los ensayos proteicos, respectivamente. Las muestras se pretrataron a 60 °C en ausencia de sustrato. Posteriormente, se determinó la actividad de xilanasa en un bloque de ensayo de 96 pocillos (Costar) utilizando arabinoxilano  
50 entrecruzado con azurina (Megazyme, 40 mg de comprimido/pocillo) como sustrato en un medio (400 µl) que

5 contenía 100 mM de fosfato sódico pH 6,5, a 55 °C durante 3 horas. La reacción se terminó por adición de Tris base al 2 % (500 µl) seguido por centrifugación a 3200 x g durante 5 minutos. Se transfirieron alícuotas (100 µl) de cada pocillo a una placa de 96 pocillos y se determinó la absorbancia a 596 nm utilizando un lector Tecan M 1000. Se utilizó una dilución en serie (100 µg a 1 µg en 100 µl) de azul brillante Remazol R (RBB, Sigma) para generar una

10 Ejemplo 15 Hidrólisis de forraje de maíz. El forraje de maíz se secó en un horno de aire circulante a 37 °C durante dos semanas, se cortó manualmente (2,54-3,81 centímetros) y se molió utilizando un molino UDY (modelo 014, UDY Corporation, Fort Collins, Co). El forraje (20 mg) se mezcló con 195 µl de H<sub>2</sub>O y se pretrató por incubación en una incubadora con agitado a 55 °C, 300 rpm durante 16 h. El forraje pretratado se suspendió en 640 µl de politampón (50 mM de citrato sódico, 20 mM de fosfato potásico dibásico, 17 mM de arginina, 40 mM de glicina, 25 mM de EPPS, 20 mM de HEPES, un 0,02 % de azida sódica) a pH 6,5 y se colocó en una incubadora con agitado a 55 °C, 15 300 rpm durante 48 h (primera hidrólisis) con un coctel de enzimas (0,5 µM de Endoglucanasa (C8546; Sigma, St. Louis, MO), 0,1 µM de Celobiohidrolasa (E-CBHI; Megazyme, Wicklow, Irlanda), 0,01 µM de β-glucosidasa (49291; Sigma)), o el coctel de enzimas más 0,3 µM de xilanasa (X2753; Sigma).

20 Ejemplo 16 Tras la hidrólisis, las muestras se calentaron a 95 °C durante 20 min, se centrifugaron a 9.000 rpm durante 3 min, y se clarificaron con filtros PVDF de 0,20 µm (Fisher Scientific, Pittsburg, PA). Se cuantificó la glucosa por HPLC con una columna Aminex HPX-87P (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA) y un detector RI (RID 10 AD), que funciona a 0,6 ml/min y 85 °C, con agua desgaseada como fase móvil.

Ejemplo 17 P77853-T134-100-101 (P77T134-100-101). Se utilizaron las siguientes secuencias en el presente ejemplo. Secuencia de la xilanasa modificada por una inteína P77T134-100-101:

**Secuencia de nucleótidos P77T134-100-101 (SEQ ID NO: 59)**

atgcaaacaagcattactctgacatccaacgcatecggtagctttgacggttactattacgaactctggaaggatactggc  
 aatacaacaatgacggtctacactcaaggtegttttctgccagtggtggaacatcaataacgcgttgtaggaccggg  
 aagaaatacaaccagaattggcagtccttggcacaatccggatcacgtactctgcgacttacaacccaaacgggaactc  
 ctacttgtgtatctatggctggtctaccaacccattggteagttctacatcggtgagtcctgggggaactggagaccgctg  
 gtgectgectggccgagggctcgctcgtcttggacgcggctaccgggcagagggccctatcgaaaaggtgcgtccgggg  
 atggaagttttctcttgggacctgattacagactgtatcggggtgccggtttggaggctctgagagcggggtagggaag  
 ttgtgcctcagaactcggtcagggagaacgctggtgtgacaccagatcacccgctttgacccccgaaggttgaaac  
 ctcttgtgacctcccgttggaaactccaattgcagtcctccgagaactgcctgtggcggggcacttggccccacctgaaga  
 acgtgttacgctcctggctcttctgttgggggatgggaacacaaagctgtcgggtcggagaggtaacgctctaatacttc  
 ttctacagcaaaaaccccgaaattgctcgcggttatcgccggtgtgcagaagccttgggtgcaaaggtgaaagcatacgt  
 ccacccgactacgggggtggttacactcgcaacccctcgctccacgtcctggagctcaagatcctgtcaaacgcctcgttgc  
 gaggggggaatggttgcataaagccgaagagaagaggggtcccgaggagggtgttctgttaccggcgtagggcgttggccc  
 tttcttgggcgcttcttctcgacagacggctctgttgaagaagaggatctcttattcaagtccagtttgggactggcc  
 caggatgtcgacatctcttctgctgcgccttggaaattacatctcaactccgttcgagagggccacgggctcagagggtctta  
 tategggccgagaggatattttcggttctgaacttatcggaacctaccttgggggccaagaggagagagacttgcag  
 cgttgaagctgagggccgagggcgttgcctggacagggatggcacttgcggcttcttctcctgcggtggcgtagagag  
 tgggcgagggcgaaaggcgctcggttcttctggagtgaagccggtcggcgcgtcgagttgcgggatcgtgttgcata  
 tetggactcaacctcaaattgccagacgtacctttctcggaacgggttgcctgctgcgtgaggttttgcgaccttg  
 gctggaagcgtcgcggaaggccaagtgtctgggacctattgttgcgtgcgaacggccggttaaggcgagaacattcg  
 acttgcggttcacctttgcaaacttcgtgagcgaggacctgggtggtgcataacacgcgtccccctgggccaagtgaaa  
 tegatggcgggacctacgacatctataggacgacacgcgtcaaccagccttcattgtggggacagccacgttcgatcag  
 tactggagcgtgcgcacctctaagcggacttcaggaacagtaccgtgaccgatcacttcgcgcctggggcgaacggggg  
 cctgaacctcggcacaatagaccaaattacattgtgcgtggagggttaccaaagctctggatcagccaacatcacccaga  
 acaccttctcagggctcttcttcggcagttcggttggctcatccggtccacaacgactactcgcatcgagtgtgagaa  
 catgtccttgcggacctacgttagcaggataccaatcccttaattggtattgcgctgtacccaacgggagacacagcc  
 cgcgctacgttaactccccgcaagtcgcaactacaatttcgcctcgggggttgggcaacaacaataatcttgcctgtg  
 tggacctgaggatcgacggacggacctcgggacctttattaccagggcacataccctgggaggccccaattgacaat  
 gtttatgtcagtcgggggagtcatacagtcgaaatcactgttactcgggataacggcacatgggacgtgtatgcgactac  
 ctggtgatacagtga

**Secuencia de aminoácidos P77T134-100-101 (SEQ ID NO: 60)**

**MQTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFR  
TGKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGN  
WRPPGACLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVL  
ESGVREVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVA  
GHLAPPEERVTLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYSKNPELLAAYRRCAE  
ALGAKVKAYVHPTTGVTTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEKRV  
PEEVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLRLGIT  
SQLRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPG  
QGWHLRLVLPVAVYRVGEAERRSGFSWSEAGRRAVAVAGSCLSSGLNLKLPR  
RYLSRHRLSLLGEAFADPGLEALAEQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPF  
ANFVSEDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRT  
SKRTSGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQG  
SSSGSSGGSSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNF  
PASRNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVS  
AGSHTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ**

Secuencia codificante de la xilanasa modificada por una inteína Tth que se dirige a la pared celular P77T134-100-101:

**5      Secuencia de nucleótidos BAASS: P77T134-100-101 (SEQ ID NO: 61)**

**atggcgaacaaacatttgteccctctccctcttctctcgctctccttggecctgtcgccagcttggecctcgggcaacaaacaag  
cattactctgacatccaacgcatecggtaegttgacgggtactattacgaactctggaaggatactggcaatacaacaatg  
acggctacactcaaggtegttttctgccagtggtcgaacatcaataacgcgtgttaggaccgggaagaaatacaac  
cagaattggcagctcttggcacaaatcggatacgtactctgagacttacaacccaaacgggaactcctactgtgtatct  
atggctggtctaccaacccattggtcgagttctacatcggtgagtcctgggggaactggagaccgctggtgctgctggc  
cgagggctcgctcgcttggacgcggctaccgggcagaggggtccctatcgaaaagggtcgctcggggatggaagtttct  
cctgggacctgattacagactgtatcggtgcccgtttggaggtccttgagagcggggtagggaagttgtgcgctca  
gaactcggtcagggagaaacgtggtgttgacaccagatccccgctttgacccccgaaggttggaacctctttgtgacc  
tcccgttggaactccaattgcagtccecgagaactgcctgtggcggggcacttgccccacctgaagaacgtgttacgc**

tectggtcttctgttgggggatgggaacacaaagctgtcgggtcggagaggtacacgtcctaatagccttcttctacagcaa  
 aaacecegaattgtctcgcggttatecgcggtgtgcagaagccttgggtgcaaaggtgaaagcatacgtccacccgacta  
 cgggggtggttacactcgcaaccctcgctccacgtcctggagctcaagatcctgtcaaacgcctcgttgcgagggcggaa  
 tggttgctaaagccgaagagaagagggtcccgaggaggtgttctgttaccggcgtgagggcgttggcccttttcttgggce  
 gtttgttctcgacagacggctctgttgaagaagaggatctcttattcaagtgccagtttgggactggcccaggatgtcgc  
 acatctcttctgtcgcccttgaattacatctcaactccgttcgagagggccacgggctcacgaggttcttatatcgggcgc  
 gaggatattttcggttctgtgaacttatcgaccctacctcttgggggccaagaggagagactgcagcgttgaagct  
 gaggcccgaggcgttgcctggacagggatggcacttgcggcttgttcttctgcctggcgtaacagagtgggcgagggc  
 ggaaaggcgtcggttctgtggagtgaagccgggtcggegcgtcgagttgcccggatcgtgttgcacatctggactcaa  
 cctcaaattgccagacgtacctttctcggcaccggtgtcgtcgtcggtgaggttttgcgaccctgggctggaagcg  
 ctgcggaaggccaagtgtctctgggaccctattgttctgtcgaaccggccggttaaggcgagaacattcgacttgcgcgtt  
 ccacccttgcaaaactctgtgagcgaggacctgggtggtgcataacacgcgtcccccctgggccaagtgacaatcgatggcgg  
 gacctacgacatctataggacgacacgcgtcaaccagccttcattgtggggacagccacgttcgatcagtactggagcg  
 tgcgcacctctaagcggacttcaggaacagtgaccgtgaccgatcacttccgcgcctgggccaacgggggctgaacctc  
 ggcacaatagaccaaattacattgtgcgtggagggttaccaaagctctggatcagccaacatcacccagaacaccttctct  
 cagggtcttcttccggcagttcggttggtcctcctcggtccacaacgactactcgcatcgagtggtgagaacatgtccttgt  
 ccggaccctacgttagcaggatcaccaatccctttaatggtattgcgtgtacccaacggagacacagcccgcgtacccg  
 ttaacttccccgcaagtcgcaactacaatttccgcctcgggggttgcggcaacaacaataatcttgcctgtggacctga  
 ggatcgacggacggaccgtcgggacctttattaccagggcacatacccctgggagggcccaattgacaatgtttatgtca  
 gtgcgggggagtcatacagtcgaaatcactgttactgcggataacggcacatgggacgtgtatgccgactacctggtgata  
 cagtga

BAASS: Secuencia de aminoácidos P77T134-100-101 (SEQ ID NO: 62)

MANKHLSLSLFLVLLGLSASLASGQQTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNT  
 TMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRTGKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNGNS  
 YLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNWRPPGACLAEGSLVLDAATGQRPVIEKVR  
 PGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVREVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPE  
 GWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTLALLLDGNTKLSGRRG  
 TRPNAFFYSKNPELLAAYRRCAEALGAKVKAYVHPTTGVTTLATLAPRPGAQ  
 DPVKRLVVEAGMVAKAEKRVPEEVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRI  
 SYSSASLGLAQDVHLLRLGITSQLRSRGPRAEVLISGREIDILRFAELIGPYL  
 LGAKRERLALEAEARRRLPGQGWHRLVLPVAVYRVGEAERRSGFSWSEA

**GRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRLSLLGEAFADPGLEALAEQGVLWD  
PIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTT  
RVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRTSGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQIT  
LCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSGSSGGSSGSTTTTTRIECENMSLSGPYVSRI  
TNPFGIALYANGDTARATVNFPA SRNYNFRRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRT  
VGTFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGSHTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ**

Secuencia codificante para la retención ER de la xilanasa modificada por una inteína Tth P77T134-100-101:

**BAASS: P77T134-100-101: Secuencia de nucleótidos SEKDEL (SEQ ID NO: 63)**

atggcgaaacaacatttgtccctctccctcttctctctctcttggcctgtcgggcagcttggcctcggggcaacaacaag  
cattactctgacatccaacgcacccggtacgtttgacgggtactattacgaactctggaaggatactggcaataacaacatg  
acggctctacactcaaggctcgcttttctgcccagtggtcgaaacatcaataacgcgttgttaggaccgggaagaaatacaac  
cagaattggcagctcttggcacaaatccggatcacgtactctgcgacttacaacccaaacgggaactcctacttgtgtatct  
atggctgggtctaccaacccattggctcgagttctacatcggtgagtcctgggggaactggagaccgcctgggtgctgctggc  
cgagggctcgctcgtcttggacgcggctaccgggcagagggctccatcgaaaaggtgcgtcgggggatggaagtttct  
ccttgggacctgattacagactgtatcgggtgcccgttttggaggctcttgagagcgggggttaggggaagttgtgcgcctca  
gaactcggtcaggggagaacgctgggtgttgacaccagatcacccgcttttgaccccggaaggttggaacacctcttgtgacc  
tcccgttggaaacctcaattgcagtcceccgcagaactgcctgtggcggggcacttggccccacctgaagaacgtgttacgc  
tcttggctcttctgttgggggatgggaacacaaagctgtcgggtcggagaggtacacgtcctaattgccttcttctacagcaa  
aaaccccgaaattgctcgcgggttategccggtgtgcagaagccttgggtgcaaaggtgaaagcatacgtccacccgacta  
cgggggtgggttacactcgcaaccctcgctccacgtcctggagctcaagatcctgtcaaacgcctcgttgtcgaggcgggaa  
tggttgctaaagccgaagagaagaggggtcccggaggaggtgttctggtaccggcgtgaggcgttggcccttttcttgggcc  
gttgtgtctcgacagacggctctgttgaaaagaagaggatctcttattcaagtgccagtttgggactggcccaggatgtcgc  
acatctcttgtcgccttggaaattacatctcaactcgttcgagaggggccacgggctcacgaggttcttatatcgggcccgc  
gaggatattttgcggttgtgaacttatcggaacctacctcttggggggccaagagggagagacttgcagcgttgaagct  
gagggccgcaggcgttgcctggacagggatggcacttgcggcttgttcttctctgcccgtacagagtgggcccaggc  
ggaaaggegcctcgggatttctgtggagtgaagccggctcggcgcgtcgagttgcgggatcgtgtttgtcatctggactcaa  
cctcaaattgcccagacgtacctttctcggaaccggttgcgtgctcggtgaggcttttgcgacctgggctggaagcg  
ctcgcggaaggccaagtgtcttgggacctattgttgcgtgcgaaccggccggttaaggcgagaacattcgacttgcgcgtt  
ccacctttgcaaacttcgtgagcgaggacctggtggtgcataacacgcgtccccctggggccaagtgacaatcgatggcgg  
gacctacgacatctataggacgacacgcgtcaaccagccttccattgtggggacagccaagttcgatcagtaactggagcg

tgcgcacctetaagcggacttcaggaacagtgaccgtgaccgatcacttcegcgcctgggcgaaccggggcctgaacctc  
ggcacaatagaccaaattacattgtgcgtggagggttaccaaagctctggatcagccaacatcacccagaacaccttctet  
cagggtcttcttccggcagttcgggtggctcatcgggtccacaacgactactcgcacgagtgagtgagaacatgtcctgt  
ceggaccctacgttagcaggatcaccaatccctttaatggtattgcgctgtacgccaacgggagacacagcccgctaccg  
ttaacttccccgaagtcgcaactacaatttccgcctgcgggggttgcggcaacaacaataatcttgccegtgtggacctga  
ggatcgacggacggaccgtcgggacctttattaccagggcacataccctgggagggcccaattgacaatgtttatgtca  
gtgcgggggagtcatacagtcgaaatcactgttactgcggataacggcacatgggacgtgtatgccgactacctgtgata  
cagagcgagaaggacgagctg tga

**BAASS: P77T134-100-101: Secuencia de aminoácidos SEKDEL (SEQ ID NO: 64)**

**MANKHLSLSLFLVLLGLSASLASGQQTSTLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNT  
TMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRTGKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNGNS  
YLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNWRPPGACLAEGSLVDAATGQRPVPIEKVR  
PGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVREVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTP  
GWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTLALLLGDGNTKLSGRRG  
TRPNAFFYSKNPELLAAYRRCAEALGAKVKAYVHPTTGVTTLATLAPRPGAQ  
DPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRI  
SYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYL  
LGAKRERLALEAEARRRLPGQGWHRLRLVLPVAVYRVGEAERRSGFSWSEA  
GRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWD  
PIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTT  
RVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRTSGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQIT  
LCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSGSSGGSSGSTTTTTRIECENMSLSGPYVSRI  
TNPFGIALYANGDTARATVNFPA SRNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRT  
VGTFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGSHTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQSEK  
DEL**

5 Las secuencias codificantes de las SEQ ID NO: 59, 61 y 63 se insertaron entre el promotor Ubi3 de arroz y el terminador NOS para generar construcciones designadas pAG2227, pAG2228 y pAG2229, respectivamente.

El casete de expresión en pAG2227 (SEQ ID NO: 72) es OsUbi3P: P77853-T134-100-101, y tiene la secuencia de SEQ ID NO: 65:

GGTACCGTCGACTCTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTAATTCGGC  
TTGTGACACCACCAACCCCATATCGACAGAGGATGTGAAGAACAGGTAAA  
TCACGCAGAAGAACCCATCTCTGATAGCAGCTATCGATTAGAACAACGAA  
TCCATATTGGGTCCGTGGGAAATACTTACTGCACAGGAAGGGGGCGATCT  
GACGAGGCCCCGCCACCGGCCTCGACCCGAGGCCGAGGCCGACGAAGCG  
CCGGCGAGTACGGCGCCGCGGGCGGCCTCTGCCCCGTGCCCTCTGCGCGTG  
GGAGGGAGAGGCCGCGGTGGTGGGGGCGCGCGCGCGCGCGCGCAGC  
TGGTGCGGCGGCGCGGGGGTTCAGCCGCCGAGCCGGCGGGCGACGGAGGA  
GCAGGGCGGGCGTGGACGCGAACTTCCGATCGGTTGGTCAGAGTGCGCGA  
GTTGGGCTTAGCCAATTAGGTCTCAACAATCTATTGGGCCGTAAAATTCAT  
GGGCCCTGGTTTGTCTAGGCCCAATATCCCGTTCATTCAGCCCACAAAT  
ATTTCCCCAGAGGATTATTAAGGCCACACGCAGCTTATAGCAGATCAAG  
TACGATGTTTCCTGATCGTTGGATCGGAAACGTACGGTCTTGATCAGGCA  
TGCCGACTTCGTCAAAGAGAGGGCGGCATGACCTGACGCGGAGTTGGTTCC  
GGGCACCGTCTGGATGGTCGTACCGGGACCGGACACGTGTCGCGCCTCC  
AACTACATGGACACGTGTGGTGCTGCCATTGGGCCGTACGCGTGGCGGT  
GACCGCACCGGATGCTGCCTCGCACCGCCTTGCCCACGCTTTATATAGAG  
AGGTTTTCTCTCCATTAATCGCATAGCGAGTCGAATCGACCGAAGGGGAG  
GGGGAGCGAAGCTTTGCGTTCTCTAATCGCCTCGTCAAGGTAATAATCA  
ATCACCTCGTCCTAATCCTCGAATCTCTCGTGGTGCCCGTCTAATCTCGCG  
ATTTTGATGCTCGTGGTGGAAGCGTAGGAGGATCCCGTGCGAGTTAGTC  
TCAATCTCTCAGGGTTTCGTGCGATTTTAGGGTGATCCACCTCTTAATCGA  
GTTACGGTTTCGTGCGATTTTAGGGTAATCCTCTTAATCTCTCATTGATT  
AGGGTTTCGTGAGAATCGAGGTAGGGATCTGTGTTATTTATATCGATCTA  
ATAGATGGATTGGTTTTGAGATTGTTCTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATA  
TATTACCCTAATGATGTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATATATTACCCTAA  
TGATGTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATATATTACCCTAATGATGGATAAT  
AAGAGTAGTTCACAGTTATGTTTTGATCCTGCCACATAGTTTGAGTTTTGT  
GATCAGATTTAGTTTTACTTATTTGTGCTTAGTTCGGATGGGATTGTTCTG  
ATATTGTTCCAATAGATGAATAGCTCGTTAGGTAAAATCTTTAGGTTGAG  
TTAGGCGACACATAGTTTATTTCTCTGGATTGGATTGGAATTGTGTTCT  
TAGTTTTTTTCCCCTGGATTGGATTGGAATTGTGTGGAGCTGGGTTAGA

GAATTACATCTGTATCGTGTACACCTACTTGAAGTGTAGAGCTTGGGGTTCT  
AAGGTCAATTTAATCTGTATTGTATCTGGCTCTTTGCCTAGTTGAAGTGT  
GTGCTGATGTTGTACTGTGTTTTTTTACCCGTTTTTATTTGCTTTACTCGTG  
CAAATCAAATCTGTCAGATGCTAGAACTAGGTGGCTTTATTCTGTGTTCTT  
ACATAGATCTGTTGTCCTGTAGTTACTTATGTCAGTTTTTGTATTATCTGA  
AGATATTTTTTGGTTGTTGCTTGTTGATGTGGTGTGAGCTGTGAGCAGCGC  
TCTTATGATTAATGATGCTGTCCAATTGTAGTGTAGTATGATGTGATTGAT  
ATGTTTCATCTATTTTTGAGCTGACAGTACCGATATCGTAGGATCTGGTGCCA  
ACTTATTCTCCAGCTGCTTTTTTTTTTACCTATGTTAATTCCAATCCTTTCTTG  
CCTCTTCCAGATCCAGATAATGCAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGC  
ATCCGGTACGTTTGACGGTTACTATTACGAACTCTGGAAGGATACTGGCA  
ATACAACAATGACGGTCTACACTCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTGC  
AACATCAATAACGCGTTGTTTAGGACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTG  
GCAGTCTCTTGGCACAATCCGGATCACGTACTCTGCGACTTACAACCCAA  
ACGGGAACCTCTACTTGTGTATCTATGGCTGGTCTACCAACCCATTGGTC  
GAGTTCTACATCGTTGAGTCCTGGGGGAAGTGGAGACCGCCTGGTGCCTG  
CCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTC  
CCTATCGAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGAAGTTTTCTCCTTGGGACCTGA  
TTACAGACTGTATCGGGTGCCCCGTTTTTGGAGGTCCTTGAGAGCGGGGTTA  
GGGAAGTTGTGCGCCTCAGAACTCGGTCAGGGAGAACGCTGGTGTGAC  
ACCAGATCACCCGCTTTTGACCCCCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACC  
TCCCGCTTGGAACCTCAATTGCAGTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGC  
CACTTGGCCCCACCTGAAGAACGTGTTACGCTCCTGGCTCTTCTGTTGGG  
GGATGGGAACACAAAGCTGTCGGGTCGGAGAGGTACACGTCCTAATGCC  
TTCTTCTACAGCAAAAACCCCGAATTGCTCGCGGCTTATCGCCGGTGTGC  
AGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGAAAGCATACGTCCACCCGACTACGGGG  
GTGGTTACACTCGCAACCCTCGCTCCACGTCCTGGAGCTCAAGATCCTGT  
CAAACGCCTCGTTGTCGAGGCGGGAATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGAAG  
AGGGTCCCGGAGGAGGTGTTTCGTTACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTT  
CTTGGGCCGTTTGTCTCGACAGACGGCTCTGTTGAAAAGAAGAGGATCT  
CTTATTCAAGTGCCAGTTTGGGACTGGCCCAGGATGTGCGCACATCTCTTG  
CTGCGCCTTGGAATTACATCTCAACTCCGTTTCGAGAGGGGCCACGGGGCTCA

CGAGGTTCTTATATCGGGCCGCGAGGATATTTTGCGGTTTGCTGAACTTA  
TCGGACCCTACCTCTTGGGGGGCCAAGAGGGAGAGACTTGCGAGCGCTGGA  
AGCTGAGGCCCCGCAGGCGTTTGCCTGGACAGGGATGGCACTTGCGGGCTT  
GTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGTGGGCGAGGCGGAAAGGCGCTCGG  
GATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCGGCGCGTCGCAGTTGCGGGATCGTG  
TTTGTCATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCCAGACGCTACCTTTCTCGGCA  
CCGGTTGTCGCTGCTCGGTGAGGCTTTTGCCGACCCTGGGCTGGAAGCGC  
TCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGGACCCTATTGTTGCTGTCGAACCGGCC  
GGTAAGGCGAGAACATTCGACTTGCGCGTTCCACCCTTTGCAAACCTTCGT  
GAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAACACCGTCCCCCTGGGCCAAGTGACA  
ATCGATGGCGGGACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCC  
TTCCATTGTGGGGACAGCCACGTTTCGATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCT  
CTAAGCGGACTTCAGGAACAGTGACCGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGG  
GCGAACCGGGGGCCTGAACCTCGGCACAATAGACCAAATTACATTGTGCGT  
GGAGGGTTACCAAAGCTCTGGATCAGCCAACATCACCCAGAACACCTTCT  
CTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGTTCGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACG  
ACTACTCGCATCGAGTGTGAGAACATGTCCTTGTCCGGACCCTACGTTAG  
CAGGATCACCAATCCCTTTAATGGTATTGCGCTGTACGCCAACGGAGACA  
CAGCCCGCGCTACCGTTAACTTCCCCGCAAGTCGCAACTACAATTTCCGC  
CTGCGGGGTTGCGGCAACAACAATAATCTTGCCCGTGTGGACCTGAGGAT  
CGACGGACGGACCGTCGGGACCTTTTATTACCAGGGCACATACCCCTGGG  
AGGCCCCAATTGACAATGTTTATGTCAGTGCGGGGAGTCATACAGTCGAA  
ATCACTGTTACTGCGGATAACGGCACATGGGACGTGTATGCCGACTACCT  
GGTGATACAGTGACCTAGGTCCCCGAATTTCCCCGATCGTTCAAACATTT  
GGCAATAAAGTTTCTTAAGATTGAATCCTGTTGCCGGTCTTGCGATGATTA  
TCATATAATTTCTGTTGAATTACGTTAAGCATGTAATAATTAACATGTAAT  
GCATGACGTTATTTATGAGATGGGTTTTTATGATTAGAGTCCCGCAATTAT  
ACATTTAATACGCGATAGAAAACAAAATATAGCGCGCAAACCTAGGATAAA  
TTATCGCGCGCGGTGTCATCTATGTTACTAGATCGGGAATTGGAATTC

El casete de expresión en pAG2228 (SEQ ID NO: 73) es OsUbi3P: BAASS: P77853-T134-100-101: NosT, y tiene la secuencia de SEQ ID NO: 66:

GGTACCGTCGACTCTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTAATTCGGC  
TTGTGACACCACCAACCCCATATCGACAGAGGATGTGAAGAACAGGTAAA  
TCACGCAGAAGAACCCATCTCTGATAGCAGCTATCGATTAGAACAACGAA  
TCCATATTGGGTCCGTGGGAAATACTTACTGCACAGGAAGGGGGCGATCT  
GACGAGGCCCCGCCACCGGCCTCGACCCGAGGCCGAGGCCGACGAAGCG  
CCGGCGAGTACGGCGCCGCGGGCGGCCTCTGCCCCGTGCCCTCTGCGCGTG  
GGAGGGAGAGGCCGCGGTGGTGGGGGCGCGCGCGCGCGCGCGCAGC  
TGGTGCGGCGGCGCGGGGGTTCAGCCGCCGAGCCGGCGGGCGACGGAGGA  
GCAGGGCGGGCGTGGACGCGAACTTCCGATCGGTTGGTCAGAGTGCGCGA  
GTTGGGCTTAGCCAATTAGGTCTCAACAATCTATTGGGCCGTAAAATTCAT  
GGGCCCTGGTTTGTCTAGGCCCAATATCCCGTTCATTCAGCCCACAAAT  
ATTTCCCCAGAGGATTATTAAGGCCACACGCAGCTTATAGCAGATCAAG  
TACGATGTTTCCTGATCGTTGGATCGGAAACGTACGGTCTTGATCAGGCA  
TGCCGACTTCGTCAAAGAGAGGGCGGCATGACCTGACGCGGAGTTGGTTCC  
GGGCACCGTCTGGATGGTCGTACCGGGACCGGACACGTGTCGCGCCTCC  
AACTACATGGACACGTGTGGTGCTGCCATTGGGCCGTACGCGTGGCGGT  
GACCGCACCGGATGCTGCCTCGCACCGCCTTGCCACGCTTTATATAGAG  
AGGTTTTCTCTCCATTAATCGCATAGCGAGTCGAATCGACCGAAGGGGAG  
GGGGAGCGAAGCTTTGCGTTCTCTAATCGCCTCGTCAAGGTAATAATCA  
ATCACCTCGTCCTAATCCTCGAATCTCTCGTGGTGCCCGTCTAATCTCGCG  
ATTTTGATGCTCGTGGTGGAAGCGTAGGAGGATCCCGTGCGAGTTAGTC  
TCAATCTCTCAGGGTTTCGTGCGATTTTAGGGTGATCCACCTCTTAATCGA  
GTTACGGTTTCGTGCGATTTTAGGGTAATCCTCTTAATCTCTCATTGATT  
AGGGTTTCGTGAGAATCGAGGTAGGGATCTGTGTTATTTATATCGATCTA  
ATAGATGGATTGGTTTTGAGATTGTTCTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATA  
TATTACCCTAATGATGTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATATATTACCCTAA  
TGATGTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATATATTACCCTAATGATGGATAAT  
AAGAGTAGTTCACAGTTATGTTTTGATCCTGCCACATAGTTTGAGTTTTGT  
GATCAGATTTAGTTTTACTTATTTGTGCTTAGTTCGGATGGGATTGTTCTG  
ATATTGTTCCAATAGATGAATAGCTCGTTAGGTAAAATCTTTAGGTTGAG  
TTAGGCGACACATAGTTTATTTCTCTGGATTTGGATTGGAATTGTGTTCT  
TAGTTTTTTTCCCCTGGATTTGGATTGGAATTGTGTGGAGCTGGGTTAGA

GAATTACATCTGTATCGTGTACACCTACTTGAAGTGTAGAGCTTGGGTCTCT  
AAGGTCAATTTAATCTGTATTGTATCTGGCTCTTTGCCTAGTTGAAGTGT  
GTGCTGATGTTGTACTGTGTTTTTTTACCCGTTTTATTTGCTTTACTCGTG  
CAAATCAAATCTGTCAGATGCTAGAACTAGGTGGCTTTATTCTGTGTTCTT  
ACATAGATCTGTTGTCCTGTAGTTACTTATGTCAGTTTTGTTATTATCTGA  
AGATATTTTTTGGTTGTTGCTTGTTGATGTGGTGTGAGCTGTGAGCAGCGC  
TCTTATGATTAATGATGCTGTCCAATTGTAGTGTAGTATGATGTGATTGAT  
ATGTTTCATCTATTTTTGAGCTGACAGTACCGATATCGTAGGATCTGGTGCCA  
ACTTATTCTCCAGCTGCTTTTTTTTTTACCTATGTTAATTCCAATCCTTTCTTG  
CCTCTTCCAGATCCAGATAATGGCGAACAAACATTTGTCCCTCTCCCTCTT  
CCTCGTCCTCCTTGGCCTGTGCGGCCAGCTTGGCCTCCGGGGCAACAAACAA  
GCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTTACTATTACG  
AACTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACACTCAAGGT  
CGCTTTTCCTGCCAGTGGTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTAGGACCGG  
GAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGGATCACGT  
ACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACCTACTTGTGTATCTATGGCT  
GGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTGGGGGAAC  
TGGAGACCGCCTGGTGCCTGCCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACG  
CGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTATCGAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGA  
AGTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAGACTGTATCGGGTGCCCGTTTTGG  
AGGTCCTTGAGAGCGGGGTTAGGGAAGTTGTGCGCCTCAGAACTCGGTC  
AGGGAGAACGCTGGTGTGACACCAGATCACCCGCTTTTGACCCCCGAAG  
GTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGCTTGGAACTCCAATTGCAGTCCCC  
GCAGAACTGCCTGTGGCGGGCCACTTGGCCCCACCTGAAGAACGTGTTAC  
GCTCCTGGCTCTTCTGTGTTGGGGGATGGGAACACAAAGCTGTCGGGTGCGA  
GAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACAGCAAAAACCCCGAATTGCTC  
GCGGCTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGAAAGCAT  
ACGTCCACCCGACTACGGGGGGTGGTTACACTCGCAACCCTCGCTCCACGT  
CCTGGAGCTCAAGATCCTGTCAAACGCCTCGTTGTGCGAGGCGGGGAATGGT  
TGCTAAAGCCGAAGAGAAGAGGGTCCCGGAGGAGGTGTTTCGTTACCGG  
CGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCTTGGGCGGTTTGTTCGACAGACGGCTC  
TGTTGAAAAGAAGAGGATCTCTTATTCAAGTGCCAGTTTGGGACTGGCCC

AGGATGTCGCACATCTCTTGCTGCGCCTTGGAATTACATCTCAACTCCGTT  
CGAGAGGGGCCACGGGCTCACGAGGTTCTTATATCGGGCCGCGAGGATAT  
TTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCCTACCTCTTGGGGGGCCAAGAGGG  
AGAGACTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGGCCCCGCAGGCGTTTGCCTGGACA  
GGGATGGCACTTGCGGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGTGGGCG  
AGGCGGAAAGGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTTCGGCGCGT  
CGCAGTTGCGGGATCGTGTTTGTTCATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCCA  
GACGCTACCTTTCTCGGCACCGGTTGTCTGCTGCTCGGTGAGGCTTTTGCC  
GACCCTGGGCTGGAAGCGCTCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGGACCCTA  
TTGTTGCTGTCTGAACCGGCCGGTAAGGCGAGAACATTCGACTTGCGCGTT  
CCACCCTTTGCAAACCTTCGTGAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAACACCGT  
CCCCCTGGGGCCAAGTGACAATCGATGGCGGGACCTACGACATCTATAGGA  
CGACACGCGTCAACCAGCCTTCCATTGTGGGGACAGCCACGTTTCGATCAG  
TACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGGAACAGTGACCGTGAC  
CGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACCGGGGGCCTGAACCTCGGCACAATA  
GACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCTGGATCAGCCAA  
CATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGTTCGGGTG  
GCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAACATGTCC  
TTGTCCGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATGGTATTGC  
GCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTACCGTTAACTTCCCCGCAA  
GTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTTGCGGCAACAACAATAATCTT  
GCCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCTTTTATTA  
CCAGGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCCAATTGACAATGTTTATGTCAGTG  
CGGGGAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGGCACATGG  
GACGTGTATGCCGACTACCTGGTGATACAGTGACCTAGGTCCCCGAATTT  
CCCCGATCGTTCAAACATTTGGCAATAAAGTTTCTTAAGATTGAATCCTGT  
TGCCGGTCTTGCGATGATTATCATATAATTTCTGTTGAATTACGTTAAGCA  
TGTAATAATTAACATGTAATGCATGACGTTATTTATGAGATGGGTTTTTAT  
GATTAGAGTCCCGCAATTATACATTTAATACGCGATAGAAAACAAAATATA  
GCGCGCAAACCTAGGATAAATTATCGCGCGCGGTGTCATCTATGTTACTAG  
ATCGGGAATTGGAATTC

El casete de expresión en pAG2229 (SEQ ID NO: 74 es OsUbi3P:BAASS:P77853-T134-100-101:SEK DEL:NosT, y tiene la secuencia de SEQ ID NO: 67:

GGTACCGTCGACTCTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTAATTCGGC  
 TTGTCGACCACCCAACCCCATATCGACAGAGGATGTGAAGAACAGGTAAA  
 TCACGCAGAAGAACCCATCTCTGATAGCAGCTATCGATTAGAACAACGAA  
 TCCATATTGGGTCCGTGGGAAATACTTACTGCACAGGAAGGGGGCGATCT  
 GACGAGGCCCCGCCACCGGCCTCGACCCGAGGCCGAGGCCGACGAAGCG  
 CCGGCGAGTACGGCGCCGCGGCGGCCTCTGCCCGTGCCCTCTGCGCGTG  
 GGAGGGAGAGGCCGCGGTGGTGGGGGCGCGCGCGCGCGCGCGCAGC  
 TGGTGCGGCGGCGCGGGGGTTCAGCCGCCGAGCCGGCGGGCGACGGAGGA  
 GCAGGGCGGCGTGACGCGAACTTCCGATCGGTTGGTCAGAGTGCGCGA  
 GTTGGGCTTAGCCAATTAGGTCTCAACAATCTATTGGGCCGTAAAATTCAT  
 GGGCCCTGGTTTGTCTAGGCCCAATATCCCGTTCATTTAGCCCAACAAT  
 ATTTCCCCAGAGGATTATTAAGGCCACACGCAGCTTATAGCAGATCAAG  
 TACGATGTTTCTGATCGTTGGATCGGAAACGTACGGTCTTGATCAGGCA  
 TGCCGACTTCGTCAAAGAGAGGGCGGCATGACCTGACGCGGAGTTGGTTCC  
 GGGCACCGTCTGGATGGTCGTACCGGGACCGGACACGTGTCGCGCCTCC  
 AACTACATGGACACGTGTGGTGCTGCCATTGGGCCGTACGCGTGGCGGT  
 GACCGCACCGGATGCTGCCTCGCACCGCCTTGCCACGCTTTATATAGAG  
 AGGTTTTCTCTCCATTAATCGCATAGCGAGTCGAATCGACCGAAGGGGAG  
 GGGGAGCGAAGCTTTGCGTTCTCTAATCGCCTCGTCAAGGTAACATAATCA  
 ATCACCTCGTCCTAATCCTCGAATCTCTCGTGGTGCCCGTCTAATCTCGCG  
 ATTTTGATGCTCGTGGTGGAAGCGTAGGAGGATCCCGTGCGAGTTAGTC  
 TCAATCTCTCAGGGTTTCGTGCGATTTTAGGGTGATCCACCTCTTAATCGA  
 GTTACGGTTTCGTGCGATTTTAGGGTAATCCTCTTAATCTCTCATTGATTT  
 AGGGTTTCGTGAGAATCGAGGTAGGGATCTGTGTTATTTATATCGATCTA  
 ATAGATGGATTGGTTTTGAGATTGTTCTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATA  
 TATTACCCTAATGATGTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATATATTACCCTAA  
 TGATGTGTCAGATGGGGATTGTTTCGATATATTACCCTAATGATGGATAAT  
 AAGAGTAGTTCACAGTTATGTTTTGATCCTGCCACATAGTTTGAGTTTTGT  
 GATCAGATTTAGTTTTACTTATTTGTGCTTAGTTTCGGATGGGATTGTTCTG

ATATTGTTCCAATAGATGAATAGCTCGTTAGGTTAAAATCTTTAGGTTGAG  
TTAGGCGACACATAGTTTATTTCTCTGGATTGGAATTGTGTTCT  
TAGTTTTTTTCCCCTGGATTGGAATTGTGTGGAGCTGGGTTAGA  
GAATTACATCTGTATCGTGTACACCTACTTGAAGTGTAGAGCTTGGGTTCT  
AAGGTCAATTTAATCTGTATTGTATCTGGCTCTTGCCTAGTTGAAGTGT  
GTGCTGATGTTGTACTGTGTTTTTTACCCGTTTTATTGCTTTACTCGTG  
CAAATCAAATCTGTCAGATGCTAGAACTAGGTGGCTTTATTCTGTGTTCTT  
ACATAGATCTGTTGTCCTGTAGTTACTTATGTCAGTTTTGTTATTATCTGA  
AGATATTTTTGGTTGTTGCTTGTTGATGTGGTGTGAGCTGTGAGCAGCGC  
TCTTATGATTAATGATGCTGTCCAATTGTAGTGTAGTATGATGTGATTGAT  
ATGTTTCATCTATTTTGAGCTGACAGTACCGATATCGTAGGATCTGGTGCCA  
ACTTATTCTCCAGCTGCTTTTTTTTACCTATGTTAATTCCAATCCTTTCTTG  
CCTCTTCCAGATCCAGATAATGGCGAACAACATTTGTCCCTCTCCCTCTT  
CCTCGTCCTCCTTGGCCTGTCGGCCAGCTTGGCCTCCGGGCAACAAACAA  
GCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTTACTATTACG  
AACTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACACTCAAGGT  
CGCTTTTCCTGCCAGTGGTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTAGGACCGG  
GAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGGATCACGT  
ACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACCTCCTACTTGTGTATCTATGGCT  
GGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTGGGGGAAC  
TGGAGACCGCCTGGTGCCTGCCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACG  
CGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTATCGAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGA  
AGTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAGACTGTATCGGGTGCCCGTTTTGG  
AGGTCCTTGAGAGCGGGGTAGGGGAAGTTGTGCGCCTCAGAACTCGGTC  
AGGGAGAACGCTGGTGTTGACACCAGATCACCCGCTTTTGACCCCCGAAG  
GTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGCTTGGAAGTCCAATTGCAGTCCCC  
GCAGAACTGCCTGTGGCGGGCCACTTGGCCCCACCTGAAGAACGTGTTAC  
GCTCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGGGAACACAAAGCTGTCGGGTGCGA  
GAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACAGCAAAAACCCCGAATTGCTC  
GCGGCTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGAAAGCAT  
ACGTCCACCCGACTACGGGGGTGGTTACACTCGCAACCCTCGCTCCACGT  
CCTGGAGCTCAAGATCCTGTCAAACGCCTCGTTGTCGAGGCGGGAATGGT

TGCTAAAGCCGAAGAGAAGAGGGTCCCGGAGGAGGTGTTTCGTTACCGG  
CGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCTTGGGCGGTTTGTTCCTCGACAGACGGCTC  
TGTTGAAAAGAAGAGGATCTCTTATTCAAGTGCCAGTTTGGGACTGGCCC  
AGGATGTGCGCACATCTCTTGCTGCGCCTTGGAATTACATCTCAACTCCGTT  
CGAGAGGGGCCACGGGCTCACGAGGTTCTTATATCGGGCCGCGAGGATAT  
TTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCCTACCTCTTGGGGGCCAAGAGGG  
AGAGACTTGACGCGCTGGAAGCTGAGGCCCCGAGGCGTTTGCCTGGACA  
GGGATGGCACTTGCGGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGTGGGCG  
AGGCGGAAAGGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCGGCGCGT  
CGCAGTTGCGGGATCGTGTTTGTTCATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCCA  
GACGCTACCTTTCTCGGCACCGGTTGTCGCTGCTCGGTGAGGCTTTTGCC  
GACCCTGGGCTGGAAGCGCTCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGGACCCTA  
TTGTTGCTGTGCAACCGGCCGTAAGGCGAGAACATTGACTTGCGCGTT  
CCACCCTTTGCAAACCTTCGTGAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAACACCGT  
CCCCCTGGGCCAAGTGACAATCGATGGCGGGACCTACGACATCTATAGGA  
CGACACGCGTCAACCAGCCTTCCATTGTGGGGACAGCCACGTTTCGATCAG  
TACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGGAACAGTGACCGTGAC  
CGATCACTTCCGCGCCTGGGCGAACCAGGGGCTGAACCTCGGCACAATA  
GACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCTGGATCAGCCAA  
CATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGTTCCGGTG  
GCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAACATGTCC  
TTGTCCGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATGGTATTGC  
GCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCCGCGCTACCGTTAACTTCCCCGCAA  
GTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTTGCGGCAACAACAATAATCTT  
GCCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCTTTTATTA  
CCAGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTATGTCAGTG  
CGGGGAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGGCACATGG  
GACGTGTATGCCGACTACCTGGTGATACAGAGCGAGAAGGACGAGCTGT  
GACCTAGGTCCCCGAATTTCCCCGATCGTTCAAACATTTGGCAATAAAGTT  
TCTTAAGATTGAATCCTGTTGCCGGTCTTGCGATGATTATCATATAATTC  
TGTTGAATTACGTTAAGCATGTAATAATTAACATGTAATGCATGACGTTAT  
TTATGAGATGGGTTTTTATGATTAGAGTCCCGCAATTATACATTTAATACG

**CGATAGAAAACAAAATATAGCGCGCAAACCTAGGATAAATTATCGCGCGCG  
GTGTCATCTATGTTACTAGATCGGGAATTGGAATTC**

Los casetes de expresión en pAG2361 (SEQ ID NO: 70) y pAG4004 (SEQ ID NO: 71) son ZmUbi1P:mmUBQ:ZmKozak:BAASS:P77853-T134-100-101:SEKDEL:NosT, con una secuencia de SEQ ID NO: 68:

**GGTACCCTGCAGTGCAGCGTGACCCGGTCGTGCCCCCTCTCTAGAGATAAT  
GAGCATTGCATGTCTAAGTTATAAAAAATTACCACATATTTTTTTTTGTCAC  
ACTTGTTTGAAGTGCAGTTTATCTATCTTTATACATATATTTAACTTTACT  
CTACGAATAATATAATCTATAGTACTACAATAATATCAGTGTTTTAGAGAA  
TCATATAAATGAACAGTTAGACATGGTCTAAAGGACAATTGAGTATTTTGA  
CAACAGGACTCTACAGTTTTATCTTTTTTAGTGTGCATGTGTTCTCCTTTTTT  
TTTGCAAATAGCTTCACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCC  
ATTTAGGGTTTAGGGTTAATGGTTTTTATAGACTAATTTTTTTTAGTACATC  
TATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATTAAGAAAACATAAACTCTATTTTAG  
TTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATAAAATAAAGTGACTAAA  
AATTAAACAAATACCCTTTAAGAAATTAAAAAAACTAAGGAAACATTTTTTC  
TTGTTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTAAACGCCGTCGACGAGTCTAA  
CGGACACCAACCAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCA  
GACGGCACGGCATCTCTGTCGCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCG  
CTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTCGGCATCCAGAAATTGCGTGGCGG  
AGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCCTCCTCCTCCTCTCACG  
GCACGGCAGCTACGGGGGATTCTTTCCCACCGCTCCTTCGCTTTCCCTT  
CCTCGCCCGCCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCCTCTTTCCCCAAC  
CTCGTGTTGTTTCGGAGCGCACACACACAACCAGATCTCCCCCAAATCC  
ACCCGTCGGCACCTCCGCTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCC  
CCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGTTCCGGTCCATGGTTAGGGCCCGG  
TAGTTCTACTTCTGTTCATGTTTGTGTTAGATCCGTGTTTGTGTTAGATCC  
GTGCTGCTAGCGTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGACACGTTCT  
GATTGCTAACTTGCCAGTGTTTCTCTTTGGGGAATCCTGGGATGGCTCTA  
GCCGTTCCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTTGTTTCGTTGCATA  
GGGTTTGGTTTGCCCTTTTCCTTTATTTCAATATATGCCGTGCACTTGTTT**

GTCGGGTCATCTTTTCATGCTTTTTTTTTGTCTTGGTTGTGATGATGTGGTC  
TGGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATTCTGTTTCAAACCTACCT  
GGTGGATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATACATATTCATAG  
TTACGAATTGAAGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACA  
TGTTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTTGTTCGCTT  
GGTTGTGATGATGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTTCATTTCGTTCTAGATCG  
GAGTAGAATACTGTTTCAAACCTACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTG  
TATGTGTGTGTCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTAAGATGGATGGAAAT  
ATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGTGGGTTTTACTGATGCATATA  
CATGATGGCATATGCAGCATCTATTCATATGCTCTAACCTTGAGTACCTAT  
CTATTATAATAACAAGTATGTTTTATAATTATTTTGATCTTGATATACTTG  
GATGATGGCATATGCAGCAGCTATATGTGGATTTTTTTTAGCCCTGCCTTCA  
TACGCTATTTATTTGCTTGGTACTGTTTCTTTTGTTCGATGCTCACCCCTGTT  
GTTTGGTGTACTTCTGCAGATCCAGATCGGATCCTAAACCATGGCGAAC  
AAACATTTGTCCCTCTCCCTCTTCCTCGTCCTCCTTGGCCTGTCGGCCAGC  
TTGGCCTCCGGGCAACAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGG  
TACGTTTGACGGTACTATTACGAACTCTGGAAGGATACTGGCAATACAA  
CAATGACGGTCTACACTCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTCGAACATC  
AATAACGCGTTGTTTAGGACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTC  
TCTTGGCACAATCCGGATCACGTACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGA  
ACTCCTACTTGTGTATCTATGGCTGGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCT  
ACATCGTTGAGTCCTGGGGGAACTGGAGACCGCCTGGTGCCTGCCTGGC  
CGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTATC  
GAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGAAGTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAG  
ACTGTATCGGGTGCCCGTTTTGGAGGTCCTTGAGAGCGGGGTAGGGAA  
GTTGTGCGCCTCAGAACTCGGTCAGGGAGAACGCTGGTGTGACACCAGA  
TCACCCGCTTTTGACCCCCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGC  
TTGGAACCTCCAATTGCAGTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGCCACTTG  
GCCCCACCTGAAGAACGTGTTACGCTCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGG  
GAACACAAAGCTGTTCGGGTTCGGAGAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCT  
ACAGCAAAAACCCCGAATTGCTCGCGGCTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCC  
TTGGGTGCAAAGGTGAAAGCATACGTCCACCCGACTACGGGGGTGGTTAC

ACTCGCAACCCTCGCTCCACGTCCTGGAGCTCAAGATCCTGTCAAACGCC  
TCGTTGTCGAGGCGGGAATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGAAGAGGGTCCC  
GGAGGAGGTGTTTCGTTACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCTTGGGCC  
GTTTGTTCCTCGACAGACGGCTCTGTTGAAAAGAAGAGGATCTCTTATTCA  
AGTGCCAGTTTGGGACTGGCCCAGGATGTCGCACATCTCTTGCTGCGCCT  
TGGAATTACATCTCAACTCCGTTTCGAGAGGGGCCACGGGCTCACGAGGTTC  
TTATATCGGGCCGCGAGGATATTTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCC  
TACCTCTTGGGGGGCCAAGAGGGAGAGACTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGG  
CCCGCAGGCGTTTGCCTGGACAGGGATGGCACTTGCGGCTTGTTCTTCCT  
GCCGTGGCGTACAGAGTGGGCGAGGCTGAAAGGCGCTCGGGATTTTCGT  
GGAGTGAAGCCGGTCGGCGCGTCGCAGTTGCGGGATCGTGTTTGTCATCT  
GGACTCAACCTCAAATTGCCCAGACGCTACCTTTCTCGGCACCGGTTGTC  
GCTGCTCGGTGAGGCTTTTGCCGACCCTGGGCTGGAAGCGCTCGCGGAA  
GGCCAAGTGCTCTGGGACCCTATTGTTGCTGTGGAACCGGCCGGTAAGGC  
GAGAACATTCGACTTGCGCGTTCCACCCTTTGCAAACCTTCGTGAGCGAGG  
ACCTGGTGGTGCATAACACCGTCCCCCTGGGCCAAGTGACAATCGATGGC  
GGGACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTCCATTGT  
GGGGACAGCCACGTTTCGATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGG  
ACTTCAGGAACAGTGACCGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACCG  
GGGCCTGAACCTCGGCACAATAGACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTT  
ACCAAAGCTCTGGATCAGCCAACATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGC  
TCTTCTTCCGGCAGTTCGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCG  
CATCGAGTGTGAGAACATGTCCTTGTCGGGACCCTACGTTAGCAGGATCA  
CCAATCCCTTTAATGGTATTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGC  
GCTACCGTTAACTTCCCCGCAAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGG  
TTGCGGCAACAACAATAATCTTGCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGAC  
GGACCGTCGGGACCTTTTATTACCAGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCCA  
ATTGACAATGTTTATGTCAGTGCGGGGAGTCATACAGTCGAAATCACTGT  
TACTGCGGATAACGGCACATGGGACGTGTATGCCGACTACCTGGTGATAC  
AGAGCGAGAAGGACGAGCTGTGACCTAGGTCCCCGAATTTCCCCGATCGT  
TCAAACATTTGGCAATAAAGTTTCTTAAGATTGAATCCTGTTGCCGGTCTT  
GCGATGATTATCATATAATTTCTGTTGAATTACGTTAAGCATGTAATAATT

**AACATGTAATGCATGACGTTATTTATGAGATGGGTTTTTATGATTAGAGTC  
CCGCAATTATACATTTAATACGCGATAGAAAACAAAATATAGCGCGCAAA  
CTAGGATAAATTATCGCGCGCGGTGTCATCTATGTTACTAGATCGGGAAT  
TGGAATTC**

La introducción de las anteriores construcciones por transformación creaba los siguientes casos transgénicos: 2227.02, 2227.03, 2227.05, 2227.08, 2227.09, 2228.104, 2228.11 y 2229.11. Los primeros cuatro números en cada uno de estos casos indica el número de plásmido pAG según el plásmido utilizado para crear la planta. Por ejemplo, se utilizó pAG2227 para crear el caso de maíz transgénico 2227.02. Los números después del punto indican el número específico del caso. Por ejemplo, 2227.02, 2227.03, 2227.05, 2227.08, y 2227.09 eran casos transgénicos independientes producidos con pAG2227; 2228.104 y 2228.11 son casos transgénicos independientes producidos con pAG2228; y 2229.11 es un caso transgénico independiente producido con pAG2229. En las FIG. 7A-7C, "4000.11" se refiere a un caso transgénico de control que contiene el casete de selección que está presente en pAG4000.

#### Condiciones de procesamiento

El forraje de maíz transgénico se molió y se procesó con un procedimiento modificado de pretratamiento e hidrólisis. Se añadieron 20,0 mg de forraje molido en tubos de Eppendorf de 2 ml con un pretratamiento de solución química (195  $\mu$ l de  $(\text{NH}_4)\text{HSO}_3$  0,175 M, 0,175 M de  $(\text{NH}_4)_2\text{CO}_3$ ) con una relación de líquido respecto a sólido (L/S) de 10 o menos. El pretratamiento se llevó a cabo en un agitador con 350 rpm a 55 °C (condición por defecto que se utilizó a menos de que se indique otra cosa), 65 °C, 75 °C, u 85 °C durante 16 horas.

El forraje pretratado se sometió a hidrólisis enzimática en politampón de Britton-Robinson con azida sódica. La hidrólisis enzimática se llevó a cabo con un contenido de sólidos del 2 % (p:v), pH 4,9, 50 °C en un agitador New Brunswick a 250 rpm durante cantidades de tiempo variables, hasta 72 horas). Se utilizó un coctel enzimático (Fct) totalmente preparado en el laboratorio que comprendía los componentes enzimáticos individuales más importantes para la evaluación del forraje vegetal con una carga de ~ 10 UFP. En conjunto, se ejecutaron dos tipos de hidrólisis en paralelo: con el coctel enzimático completo (Fct), y con un coctel menos una enzima (Nct). Se cargó Accellerase™ 1500 a 10 UFP/g de masa seca y Accellerase™ XY a 0,1 ml/g de peso seco. Se midió el rendimiento en glucosa por YSI.

Los resultados del procesamiento se presentan en la Tabla 1, posteriormente, y en las FIG. 7A, 7B y 7C.

Tabla 1

| Construcción        |         | Sin Coctel (NC)<br>Glucosa (Glu)<br>%Rendimiento | NC Glu<br>Desv Estd | NC Xilosa<br>(Xilo)<br>%Rendimiento | NC Xilo<br>Desv Estd | Coctel Completo<br>(FC) Glu<br>%Rendimiento | FC Glu<br>Desv Estd | FC Xilo<br>%Rendimiento | FC Xilo<br>Desv Estd |
|---------------------|---------|--------------------------------------------------|---------------------|-------------------------------------|----------------------|---------------------------------------------|---------------------|-------------------------|----------------------|
| P77853:T134-100-101 | 2227.02 | 10,0695                                          | 0,2205              | 0,6566                              | 0,0245               | 23,912                                      | 0,392               | 4,65745                 | 0,10045              |
| P77853:T134-100-101 | 2227.03 | 7,203                                            | 0,147               | 0,343                               | 0,098                | 17,15                                       | 1,519               | 3,95185                 | 0,45815              |
| P77853:T134-100-101 | 2227.05 | 8,722                                            | 0,098               | 0,4775                              | 0,03675              | 19,4285                                     | 2,2295              | 3,42755                 | 0,33565              |
| P77853:T134-100-101 | 2229.11 | 9,0895                                           | 0,6125              | 1,37445                             | 0,15925              | 17,0765                                     | 1,2005              | 4,7432                  | 0,3038               |
| ck negativa         | 4000.11 | 2,058                                            | 0,0245              | 0,33565                             | 0,08085              | 11,319                                      | 0,098               | 4,08415                 | 0,07595              |

La FIG. 7A muestra los resultados del procesamiento para las plantas transgénicas producidas utilizando pAG4000, pAG2229, y pAG2227. Se muestra la hidrólisis que utiliza un coctel enzimático completo (FCt) o un coctel sin enzima externa (NCt). En la FIG. 7A, la planta transgénica marcada 4000.11 representa un control negativo, que no expresa una enzima modificada por una inteína. En la Figura 7A, todas las plantas transgénicas que expresaban una enzima modificada por una inteína sobrepasaban a 4000.11 debido a que producían más glucosa en condiciones tanto de FCt como de NCt. La FIG. 7B muestra resultados similares del procesamiento para las plantas transgénicas producidas utilizando pAG2014, pAG2228, y pAG2229, y la planta no transgénica con la etiqueta "AxB". En la FIG. 7B, todas las plantas transgénicas superaban la planta no transgénica, AxB, en términos de producción de glucosa. La FIG. 7C muestra los resultados del procesamiento a diferentes temperaturas para una planta no transgénica (AxB), una planta transgénica producida con pAG4000 (4000.11), y una planta transgénica que expresaba una enzima modificada por una inteína producida con pAG2229 (2229.11). En la FIG. 7C el pretratamiento se llevó a cabo a 65 °C, 75 °C, u 85 °C.

#### Ejemplo 18

Secuencias adicionales. Las secuencias a las que se hace referencia en el presente documento incluyen pero no se limitan a las siguientes:

>S158-39 (SEQ ID NO: 1)

CAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTTA  
 CTATTACGAACTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACA  
 CTCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTA  
 GGACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGG  
 ATCACGTACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACTCCTACTTGTGTATC  
 TATGGCTGGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTG  
 GGGGAACTGGAGACCGCCTGGTGCCACGTCCCTGGGCCAAGTGACAATC

GATGGCGGGACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTG  
 CCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTAT  
 CGAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGAAGTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAGACT  
 GTATCGGGTGCCCGTTTTGGAGGTCCTTGAGAGCGGGGTTGGGGAAGTTGTGC  
 GCCTCAGAACTCGGTCAGGGAGAACGCTGGTGTTGACACCAGATCACCCGCTTT  
 TGACCCCCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGCTTGGAACCTCAATTG  
 CAGTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGCCACTTGGCCCCACCTGAAGAACGTG  
 TTACGCTCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGGGAACACAAAGCTGTCGGGTCGGA  
 GAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACAGCAAAGACCCCGAATTGCTCGCGG  
 CTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGAAAGCATACTGCCACC  
 CGACTACGGGGGTGGTTACACTCGCAACCCTCGCTCCACGTCCTGGAGCTCAAG  
 ATCCTGTCAAACGCCTCGTTGTCGAGGCGGGGAATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGA  
 AGAGGGTCCCGGAGGAGGTGTTTCGTTACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCT  
 TGGGCCGTTTGTCTCTCGACAGACGGCTCTGTTGAAAGGAAGAGGATCTCTTATT  
 CAAGTGCCAGTTTGGGACTGGCCCAGGATGTCGCACATCTCTTGCTGCGCCTTG  
 GAATTACATCTCAACTCCGTTTCGAGAGGGCCACGGGCTCACGAGGTTCTTATAT  
 CGGGCCGCGAGGATATTTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCCTACCTCTTGG  
 GGGCCAAGAGGGAGAGACTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGGCCCCGAGGCGTTTG  
 CCTGGACAGGGATGGCACTTGCGGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGTG  
 AGCGAGGCTAAAAGGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCAAGCGCGT  
 CGCAGTTGCGGGATCGTGTTTGTCATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCCAGACG  
 CTACCTTTCTCGGCACCGGTTGTCGCTGCTCGGTGAGGCTTTTGCCGACCCTGG  
 GCTGGAAGCGCTCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGGACCCTATTGTTGCTGTGCA  
 ACCGGCCGGTAAGGCGAGAACATTCGACTTGCGCGTTCCACCCTTTGCAAACCTT  
 CGTGAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAACTCCATTGTGGGGACAGCCACGTTT  
 GATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGGAACAGTGAC  
 CGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACCAGGGGCTGAACCTCGGC  
 ACAATAGACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCTGGATC  
 AGCCAACATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGTT  
 CGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAAC  
 ATGTCCTTGTCCGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATGGT  
 ATTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTACCGTTAACTTCCC

CGCAAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTTGCGGCAACAACAATA  
ATCTTGCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCTTT  
TATTACCAGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTATGT  
CAGTGCGGGGAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGGCA  
CATGGGACGTGTATGCCGACTACCTGGTGATACAG

>S158-39 (SEQ ID NO: 2)

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
RPPGATSLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPCLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRP  
GMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVGEVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPE  
GWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTLALLLGDGNTKLSGRRG  
TRPNAFFYSKDPELLAAYRRCAEALGAKVKAYVHPTTGVTLATLAPRPGAQ  
DPVKRLVVEAGMVAKAEKRVPEEVFRYRREALALFLGRLSSTDGGSVERKRI  
SYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRGPRAEVLISGREIDILRFAELIGPYL  
LGAKRERLALEAEARRRLPGQGWHRLVLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEA  
GQRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWD  
PIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLVVHNSIVGTATFDQYWSVRTSKRT  
SGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSG  
SSGGSSGSTTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPAS  
RNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGS  
HTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ

>S158-21 (SEQ ID NO: 3)

>S158-21 (SEQ ID NO: 4)

>T134-180 (SEQ ID NO: 5)

>T134-180 (SEQ ID NO: 6)

>T134-100-165 (también llamada T134-1065) (SEQ ID NO: 7)

>T134-100-165 (también llamada T134-1065) (SEQ ID NO: 8)

5

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
 GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
 RPPGACLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLES  
 GVREVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAG  
 HLAPEERVTLALLLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYSKNPELLAAYRRCAEA  
 LGAKVKAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPE  
 EVFRYRREALALFLGRLFSTDGGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQ  
 LRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEAEARRRLPGQG  
 WHLRLVLPVAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYL  
 SRHRLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFV  
 SEDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRT  
 SGTVTVDHFWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSG  
 SSGGSSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPA  
 RNYNFRRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGS  
 HTVEITVSADNGTWDVYADYLVIQ

>T134-10068 (también llamada T134-100-68) (SEQ ID NO: 9)

>T134-10068 (también llamada T134-100-68) (SEQ ID NO: 10)

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
 GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
 RPPGACLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLES  
 GVREVVRLRTRSERLTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGH  
 LAPPEERVTLALLLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFHFSKDPELLAAYRRCAEAL  
 GAKVKAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEE  
 VFRYRREALALFLGRLFSTDGGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQL  
 RSRGPRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEAEARRRLPVQGW  
 HSRLVLPVAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLS  
 RHRLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVS  
 EDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRTS

GTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSGS  
SGGSSSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPSR  
NYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGSH  
TVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ

>T134-10039 (también llamada T134-100-39) (SEQ ID NO: 11)

>T134-10039 (también llamada T134-100-39) (SEQ ID NO: 12)

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
RPPGACLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLES  
GVREVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAG  
HLAPPEERVTLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYSKDPELLAAYRRCAEA  
LGAKVKAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPE  
EVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQ  
LRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEAEARRRLPGQG  
WHLRLVLPVAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYL  
SRHRLSLLGEAFADPGLEALAEGLVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFV  
SEDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRT  
SGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSG  
SSGGSSSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPS  
RNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGS  
HTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ

5 >T134-100 (SEQ ID NO: 13)

CAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTTA  
CTATTACGAAGTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACA  
CTCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTA  
GGACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGG  
ATCACGTACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACCTCCTACTTGTGTATC  
TATGGCTGGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTG  
GGGGAACCTGGAGACCGCCTGGTGCCTGCCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTC

TTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTATCGAAAAGGTGCGTCCGG  
 GGATGGAAGTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAGACTGTATCGGGTGCCC  
 GTTTTGGAGGTCCTTGAGAGCGGGGTAGGGAAGTTGTGCGCCTCAGAAC  
 TCGGTCAGGGAGAACGCTGGTGTGACACCAGATCACCCGCTTTTGACCC  
 CCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGCTTGGAACCTCCAATTGCA  
 GTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGGCCACTTGGCCCCACCTGAAGAAC  
 GTGTTACGCTCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGGGAACACAAAGCTGTGCG  
 GGTCCGAGAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACAGCAAAGACCCCGA  
 ATTGCTCGCGGCTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGA  
 AAGCATACGTCCACCCGACTACGGGGGGTGGTTACACTCGCAACCCTCGCT  
 CCACGTCCTGGAGCTCAAGATCCTGTCAAACGCCTCGTTGTCGAGGCGGG  
 AATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGAAGAGGGTCCCGGAGGAGGTGTTTCGT  
 TACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCTTGGGCCGTTTGTTCGACAGA  
 CGGCTCTGTTGAAAAGAAGAGGATCTCTTATTCAAGTGCCAGTTTGGGAC  
 TGGCCCAGGATGTCGCACATCTCTTGCTGCGCCTTGGAATTACATCTCAA  
 CTCCGTTTCGAGAGGGCCACGGGCTCACGAGGTTCTTATATCGGGCCGCGA  
 GGATATTTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCCTACCTCTTGGGGGCCA  
 AGAGGGAGAGACTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGGCCCGCAGGCGTTTGCC  
 TGGACAGGGATGGCACTTGCGGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAG  
 TGAGCGAGGCTAAAAGGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCG  
 GCGCGTCGCAGTTGCGGGATCGTGTTTGTGTCATCTGGACTCAACCTCAAAT  
 TGCCCAGACGCTACCTTTCTCGGCACCGGTTGTGCTGCTCGGTGAGGCT  
 TTTGCCGACCCTGGGCTGGAAGCGCTCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGG  
 ACCCTATTGTTGCTGTCGAACCGGCCGGTAAGGCGAGAACATTCGACTTG  
 CGCGTTCCACCCTTTGCAAACCTTCGTGAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAA  
 CACCGTCCCCC TGGGCCAAGTGACAATCGATGGCGGGACCTACGACATC  
 TATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTCCATTGTGGGGACAGCCACGTT  
 CGATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGGAACAGTGA  
 CCGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGCGAACCAGGGGCCTGAACCTCGG  
 CACAATAGACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCTGGAT  
 CAGCCAACATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGT  
 TCGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAA

CATGTCCTTGTCGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATG  
GTATTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTACCGTTAACTTC  
CCCGCAAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTTGCGGCAACAACAA  
TAATCTTGCCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCT  
TTTATTACCAGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTAT  
GTCAGTGCGGGGAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGG  
CACATGGGACGTGTATGCCGACTACCTGGTGATACAG

>T134-100 (SEQ ID NO: 14)

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
RPPGACLAEGSLVLDAATGQRPVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLES  
GVREVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAG  
HLAPPEERVTLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAPFFYSKDPELLAAYRRCAEA  
LGAKVKAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEKRVPE  
EVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQ  
LRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPGQG  
WHLRLVLPVAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYL  
SRHRLSLLGEAFADPGLEALAEQQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFV  
SEDLVVHNTVPLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRT  
SGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSG  
SSGGSSGSTTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPA  
RNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGS  
HTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ

Secuencias de S158-30-m79-110 (SEQ ID NO: 15)

5 >S158-30-m79-110 (la inteína está en cursiva, los cambios de nt se muestran como texto subrayado)

CAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTTA  
CAATTACGAAGTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACA  
CTCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTA  
GGACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGG  
ATCACGTACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACCTCTACTTGTGTATC

TATGGCTGGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTG  
 GGGGAAGTGGAGACCGCCTGGTGCCACGTCCCTGGGGCAAGTGACAATC  
 GATGGCGGGACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTG  
 CCTGGCCGAGGGCTCGCTCGTCTTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTAT  
 CGAAAAGGTGCGTCCGGGGATGGAAGTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAGACT  
 GTATCAGGTGCCCGTTTTGGAGGTCCTTGAGAGCGGGGTTGGGGAAGTTGTGC  
 GCCTCAGAACTCGGTCAGGGAGAACGCTGGTGTTGACACCAGATCACCCGCTTT  
 TGACCCCCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACCTCCCGCTTGGAAGTCCAATTG  
 CAGTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGCCACTTGGCCCCACCTGAAGAACGTG  
 TTACGCCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGGGAACACAAAGCTGTCGGGTCGGA  
 GAGGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACTGCAAAGACCCCGAATTGCTCGCGG  
 CTTATCGCCGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGAAAGCATACGTCCACC  
 CGACTACGGGGGTGGTTACACTCGCAACCCTCGCTCCACGTCCTGGAGCTCAAG  
 ATCCTGTCAAACGCCTCGTTGTGCGAGGCGGGAATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGA  
 AGAGGGTCCCGGAGGAGGTGTTCCGTTACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCT  
 TGGGCCGTTTGTCTCGACAGACGGCTCTGTTGAAAAGAAGAGGATCTCTTATT  
 CAAGTGCCAGTTTGGGACTGGCCCAGGATGTCGCACATCTCTTGCTGCGCCTTG  
 GAATTACATCTCAACTCCGTTGAGAGGGCCACGGGCTCACGAGGTTCTTATAT  
 CGGGCCGCGAGGATATTTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGGACCCTACCTCTTGG  
 GGGCCAAGAGGGAGAGACTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGGCCCCGAGGCGTTTG  
 CCTGGACAGGGATGGCACTTGCGGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGTG  
 AGCGAGGCTAAAAGGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCGGCGCGT  
 CGCAGTTGCGGGATCGTGTTTGTGTCATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCAGACG  
 CTACCTTTCTCGGCACCGGTTGTGCGATGCTCGGTGAGGCTTTTGCCGACCCTGG  
 GCTGGAAGCGCTCGCGGAAGGCCAAGTGCTCTGGGACCCTATTGTTGCTGTGCA  
 ACCGGCCGGTAAGGCGAGAACATTCGACTTGCGCGTTCCACCCTTTGCAAACCTT  
 CGCGAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAACTCCATTGTGGGGACAGCCACGTTG  
 GATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGGAACAGTGAC  
 CGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACCGGGGCTGAACCTCGGC  
 ACAATAGACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCTGGATC  
 AGCCAACATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGTT  
 CGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAAC

ATGTCCTTGTCGGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATGGT  
ATTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTACCGTTAACTTCCC  
CGCAAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTTGCGGCAACAACAATA  
ATCTTGCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCTTT  
TATTACCAGGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTATGT  
CAGTGCGGGGAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGGCA  
CATGGGACGTGTATGCCGACTACCTGGTGATACAGTGA

>S158-30-m79-110 (SEQ ID NO: 16)

QTSITLTSNASGTFDGYNYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
RPPGATSLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPCLAEGSLVLDAATGQRPVPIEKVRP  
GMEVFSLGPDYRLYQVPVLEVLESGVGEVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPE  
GWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTPALALLGDGNTKLSGRRG  
TRPNAFFYCKDPELLAAYRRCAEALGAKVKAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQ  
DPVKRLVVEAGMVAKAEKRVPEEVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRI  
SYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYL  
LGAKRERLAALAEARRRLPGQGWHRLVLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEA  
GRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRLSMLGEAFADPGLEALAEQVLW  
DPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFASDLVVHNSIVGTATFDQYWSVRTSKR  
TSGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSS  
GSSGGSSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPA  
SRNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAG  
SHTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ

(SEQ ID NO: 17)

1

QTSITLTSNASGTFDGYNYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNW

61

QSLGTIRITYSATYNPNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNWRPPGATSLG  
QVTIDGG

121

TYDIYRTTRVNQPCLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYQ  
VPVLEVLE

181

SGVGEVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAG  
HLAPPEE

241

RVTPLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYCKDPELLAAYRRCAEALGAKVK  
AYVHPTTGV

301

VTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEKRVPEEVFRYRREALALFLG  
RLFSTDGSV

361

EKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRIGITSQLRSRGPRAEVLISGREDILRFAE  
LIGPYL

421

LGAKRERLAALAEARRRLPGQGWHRLVLPAVAYRVSEAKRRSGFSWSEA  
GRRVAVAGS

481

CLSSGLNLKLPRRYLSRHRLSMLGEAFADPGLEALAEQVLWDPIVAVEPAG  
KARTFDLR

541

VPPFANFASDLVVHNSIVGTATFDQYWSVRTSKRTSGTVTVTDHFRAWANR  
GLNLGTID

601

QITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSGSSGGSSGSTTTTRIECENMSLSGPYV  
SRITN

661

PFNGIALYANGDTARATVNFPA SRNYNFRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVG  
TFYYQGTY

721 PWEAPIDNVYVSAGSHTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ-

(SEQ ID NO: 17 (secuencia de aminoácidos y SEQ ID NO: 18 (secuencia de ácido nucleico)

1

CAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTTA  
CAATTACGAA

61

CTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACACTCAAGGTCG  
CTTTTCCTGC

121

CAGTGGTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTAGGACCGGGAAGAAATACAA  
CCAGAATTGG

181

CAGTCTCTTGGCACAATCCGGATCACGTACTCTGCGACTTACAACCCAAA  
CGGGAACTCC

241

TACTTGTGTATCTATGGCTGGTCTACCAACCCATTGGTCGAGTTCTACATC  
GTTGAGTCC

301

TGGGGGAACTGGAGACCGCCTGGTGCCACGTCCCTGGGCCAAGTGACAA  
TCGATGGCGGG

361

ACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTGCCTGGCCGA  
GGGCTCGCTC

421

GTCTTGGACGCGGCTACCGGGCAGAGGGTCCCTATCGAAAAGGTGCGTC  
CGGGGATGGAA

481

GTTTTCTCCTTGGGACCTGATTACAGACTGTATCAGGTGCCCCGTTTTGGA  
GGTCCTTGAG

541

AGCGGGGTTGGGGAAAGTTGTGCGCCTCAGAACTCGGTCAGGGAGAACGC  
TGGTGTTGACA

601

CCAGATCACCCGCTTTTGACCCCCGAAGGTTGGAAACCTCTTTGTGACCT  
CCCGCTTGGA

661

ACTCCAATTGCAGTCCCCGCAGAACTGCCTGTGGCGGGCCACTTGGCCCC  
ACCTGAAGAA

721

CGTGTTACGCCCCCTGGCTCTTCTGTTGGGGGATGGGAACACAAAGCTGTC  
GGGTCCGAGA

781

GGTACACGTCCTAATGCCTTCTTCTACTGCAAAGACCCCGAATTGCTCGC  
GGCTTATCGC

841

CGGTGTGCAGAAGCCTTGGGTGCAAAGGTGAAAGCATACGTCCACCCGA  
CTACGGGGGGTG

901

GTTACACTCGCAACCCTCGCTCCACGTCCTGGAGCTCAAGATCCTGTCAA  
ACGCCTCGTT

961

GTCGAGGCGGGAATGGTTGCTAAAGCCGAAGAGAAGAGGGTCCCGGAGG  
AGGTGTTCCGT

1021

TACCGGCGTGAGGCGTTGGCCCTTTTCTTGGGCCGTTTGTTCTCGACAGA  
CGGCTCTGTT

1081

GAAAAGAAGAGGATCTCTTATTCAAGTGCCAGTTTGGGACTGGCCCAGGA  
TGTCGCACAT

1141

CTCTTGCTGCGCCTTGGAATTACATCTCAACTCCGTTCGAGAGGGCCACG  
GGCTCACGAG

1201

GTTCTTATATCGGGCCGCGAGGATATTTTGCGGTTTGCTGAACTTATCGG  
ACCCTACCTC

1261

TTGGGGGGCCAAGAGGGAGAGACTTGCAGCGCTGGAAGCTGAGGCCCCGCA  
GGCGTTTGCCT

1321

GGACAGGGATGGCACTTGC GGCTTGTTCTTCCTGCCGTGGCGTACAGAGT  
GAGCGAGGCT

1381

AAAAGGCGCTCGGGATTTTCGTGGAGTGAAGCCGGTCGGCGCGTCGCAG  
TTGCGGGATCG

1441

TGTTTGT CATCTGGACTCAACCTCAAATTGCCCAGACGCTACCTTTCTCGG  
CACCGGTTG

1501

TCGATGCTCGGTGAGGCTTTTGCCGACCCTGGGCTGGAAGCGCTCGCGG  
AAGGCCAAGTG

1561

CTCTGGGACCCTATTGTTGCTGTCTGAACCGGCCGGTAAGGCGAGAACATT  
CGACTTGCGC

1621

GTTCCACCCTTTGCAA ACTTCGCGAGCGAGGACCTGGTGGTGCATAACTC  
CATTGTGGGG

1681

ACAGCCACGTTCGATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTC  
AGGAACAGTG

1741

ACCGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACC GGGGCCTGAACCTCG  
GCACAATAGAC

1801

CAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCTGGATCAGCCAACAT  
CACCCAGAAC

1861

ACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCAGTTCGGGTGGCTCATCCGGCTC  
CACAACGACT

1921

ACTCGCATCGAGTGTGAGAACATGTCCTTGTCGGACCCTACGTTAGCAG  
GATCACCAAT

1981

CCCTTTAATGGTATTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTAC  
CGTTAACTTC

2041

CCCGCAAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGTGCGGCAACAACAA  
TAATCTTGCC

2101

CGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCTTTTATTACCA  
GGGCACATAC

2161

CCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTATGTCAGTGCGGGGAGTCATAC  
AGTCGAAATC

2221

ACTGTTACTGCGGATAACGGCACATGGGACGTGTATGCCGACTACCTGGT  
GATACAGTGA

SEQ ID NO: 19 (XynB, P77853 secuencia proteica)

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
RPPGATSLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSKRTSGTV  
TVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSSSGSSGG  
SSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNFPAARNYN

**FRLRGCGNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVSAGSHTVE  
ITVTADNGTWDVYADYLVIQ**

En la secuencia anterior, S158 está subrayado. La numeración de la posición se refiere a la posición 158 de la secuencia proteica nativa (véase <http://www.uniprot.org/uniprot/P77853>), que incluye un péptido de señal nativo (MFLKKLSKLL LVVLLVAVYT QVNA (SEQ ID NO: 39)) que no está presente en la secuencia anterior.

5 **SEQ ID NO: 20 (XynB, P77853 secuencia de ADN)**

**ATGCAAACAAGCATTACTCTGACATCCAACGCATCCGGTACGTTTGACGGTT  
ACTATTACGAACTCTGGAAGGATACTGGCAATACAACAATGACGGTCTACAC  
TCAAGGTCGCTTTTCCTGCCAGTGGTCGAACATCAATAACGCGTTGTTTAGG  
ACCGGGAAGAAATACAACCAGAATTGGCAGTCTCTTGGCACAATCCGGATCA  
CGTACTCTGCGACTTACAACCCAAACGGGAACTCCTACTTGTGTATCTATGG  
CTGGTCTACCAACCCATTGGTTCGAGTTCTACATCGTTGAGTCCTGGGGGAAC  
TGGAGACCGCCTGGTGCCACGTCCCTGGGCCAAGTGACAATCGATGGCGGG  
ACCTACGACATCTATAGGACGACACGCGTCAACCAGCCTTCCATTGTGGGGA  
CAGCCACGTTTCGATCAGTACTGGAGCGTGCGCACCTCTAAGCGGACTTCAGG  
AACAGTGACCGTGACCGATCACTTCCGCGCCTGGGGCGAACCGGGGGCCTGAA  
CCTCGGCACAATAGACCAAATTACATTGTGCGTGGAGGGTTACCAAAGCTCT  
GGATCAGCCAACATCACCCAGAACACCTTCTCTCAGGGCTCTTCTTCCGGCA  
GTTCCGGGTGGCTCATCCGGCTCCACAACGACTACTCGCATCGAGTGTGAGAA  
CATGTCCTTGTCCGGACCCTACGTTAGCAGGATCACCAATCCCTTTAATGGTA  
TTGCGCTGTACGCCAACGGAGACACAGCCCGCGCTACCGTTAACTTCCCCGC  
AAGTCGCAACTACAATTTCCGCCTGCGGGGGTTGCGGCAACAACAATAATCTT  
GCCCCGTGTGGACCTGAGGATCGACGGACGGACCGTCGGGACCTTTTATTACC  
AGGGCACATACCCCTGGGAGGCCCAATTGACAATGTTTATGTCAGTGCGGG  
GAGTCATACAGTCGAAATCACTGTTACTGCGGATAACGGCACATGGGACGTG  
TATGCCGACTACCTGGTGATACAGTGA**

**T134-195 (SEQ ID NO: 21)**

QTSITLTSNASGTFDGYYYELWKDTGNTTMTVYTQGRFSCQWSNINNALFRT  
GKKYNQNWQSLGTIRITYSATYNPNNGNSYLCIYGWSTNPLVEFYIVESWGNW  
RPPGACLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLES  
GVREVVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAG  
HLAPPEERVTLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNASFYSKDPELLAAYRRCAEA  
LGAKVKAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPE  
EVFRYRREALALFLGRLFSTDGSEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGIRS  
QLRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEAEARRRLPGQ  
GWHLRLVLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRR  
YLSRHRLSLLGEAFADPGLEALAEQVLDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFA  
NFVSEDLVVHNTSLGQVTIDGGTYDIYRTTRVNQPSIVGTATFDQYWSVRTSK  
RTSGTVTVTDHFRAWANRGLNLGTIDQITLCVEGYQSSGSANITQNTFSQGSS  
SGSSGGSSGSTTTTRIECENMSLSGPYVSRITNPFNGIALYANGDTARATVNF  
ASRNYNFRRLRGCNNNNLARVDLRIDGRTVGTFFYYQGTYPWEAPIDNVYVSA  
GSHTVEITVTADNGTWDVYADYLVIQ

**Tth-S158-39 Secuencia de inteína (SEQ ID NO: 22)**

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVGE  
VVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPP  
EERVTLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYSKDPELLAAYRRCAEALGAKV  
KAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRY  
RREALALFLGRLSSTDGSVERKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRG  
PRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEAEARRRLPGQGWHLRL  
VLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEAGQRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRL  
SLLGEAFADPGLEALAEQVLDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLV  
VHN

- 5    **Secuencia de inteína Tth-T134-195 (SEQ ID NO: 23)**  
      **Secuencia de inteína Tth-S158-21 (SEQ ID NO: 24)**  
      **Secuencia de inteína Tth T134-180 (SEQ ID NO: 25)**  
      **Secuencia de inteína Tth T134-100-65, también llamada secuencia de inteína Tth T134-1065 (SEQ ID NO: 26)**

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVRE  
 VVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPP  
 EERVTLALLLLGDGNTKLSGRRGTRPNFAFFYSKNPELLAAYRRCAEALGAKV  
 KAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRY  
 RREALALFLGRLFSTDGGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRG  
 PRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPGQGWHRL  
 VLPAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRL  
 SLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLV  
 VHN

Tth T134-100-68 secuencia de inteína, también llamada Tth T134-10068 secuencia de inteína (SEQ ID NO: 27)

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVRE  
 VVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPP  
 EERVTLALLLLGDGNTKLSGRRGTRPNFAFFHSKDPELLAAYRRCAEALGAKV  
 KAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRY  
 RREALALFLGRLFSTDGGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRG  
 PRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPVQGWHSRL  
 VLPAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRL  
 SLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLV  
 VHN

Secuencia de inteína Tth T134-100-39, también llamada Secuencia de inteína Tth T134-10039 (SEQ ID NO: 28)

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVRE  
 VVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPP  
 EERVTLALLLLGDGNTKLSGRRGTRPNFAFFYSKDPELLAAYRRCAEALGAKV  
 KAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRY  
 RREALALFLGRLFSTDGGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRG  
 PRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPGQGWHRL  
 VLPAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRL  
 SLLGEAFADPGLEALAEGVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLV  
 VHN

5

Tth T134-100 (SEQ ID NO: 29)

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVRE  
VVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPP  
EERVTLALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYSKDPELLAAYRRCAEALGAKV  
KAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRY  
RREALALFLGRLFSTDGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRG  
PRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPGQGWHRL  
VLPAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRL  
SLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFVSEDLV  
VHN

Tth S158-30-m79-110 (SEQ ID NO: 30)

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYQVPVLEVLESGVGE  
VVRLRTRSGRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPP  
EERVTPALLLGDGNTKLSGRRGTRPNAFFYCKDPELLAAYRRCAEALGAKV  
KAYVHPTTGCVTLATLAPRPGAQDPVKRLVVEAGMVAKAEEKRVPEEVFRY  
RREALALFLGRLFSTDGSVEKKRISYSSASLGLAQDVAHLLLRLGITSQLRSRG  
PRAHEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLAALAEARRRLPGQGWHRL  
VLPAVAYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGLNLKLPRRYLSRHRL  
SMLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFASDL  
VVHN

5 Tth (SEQ ID NO: 34)

CLAEGSLVLDAATGQRVPIEKVRPGMEVFSLGPDYRLYRVPVLEVLESGVREVV  
RLRTRS  
GRTLVLTPDHPLLTPEGWKPLCDLPLGTPIAVPAELPVAGHLAPPEERVTLALL  
LGDGN

**TKLSGRRGTRPNAFFYSKDPELLAAYRRCAEALGAKVKAYVHPTTGVVTLATLA  
PRPGAQ**

**DPVKRLVVEAGMVAKAEKRVPEEVFRYRREALALFLGRLFSTDGSVEKKRISY  
SSASLG**

**LAQDVAHLLLRLGITSQLRSRGPRAEVLISGREDILRFAELIGPYLLGAKRERLA  
ALEA**

**EARRRLPGQGWHLRLVLPVAVYRVSEAKRRSGFSWSEAGRRVAVAGSCLSSGL  
NLKLPRR**

**YLSRHRLSLLGEAFADPGLEALAEGQVLWDPIVAVEPAGKARTFDLRVPPFANFV  
SEDLV**

**VHN**

**S158 19 (SEQ ID NO: 35)**

atgttcctta agaaactgtc taagttgetg ctcgtcgtgc tccttgttgc cgtttacaca 60  
 caggtaacg cgcaacaag cattactctg acatccaacg catccggtac gtttgacggt 120  
 tactattacg aactctggaa ggatactggc aatacaacaa tgacgggteta cactcaaggt 180  
 cgcttttctt gccagtggc gaacatcaat aacgcgttgt ttaggaccgg gaagaaatac 240  
 aaccagaatt ggcagtctct tggcacaatc cggatcacgt actctgcgac ttacaacca 300  
 aacgggaact cctacttgtg tatctatggc tggctacca acccattggt cgagttctac 360  
 atcgttgagt cctgggggaa ctggagaccg cctggtgcca cgccctggg ccaagtgaca 420  
 atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagec ttgcctggcc 480  
 gagggctcgc tegtcttga cgcggtacc gggcagaggg tcctatcga aaaggtgcgt 540  
 ccgggatgg aagttttctc ctgggacct gattacagac tgtatcgggt gcccgtttg 600  
 gagtccttg agagcggggt tggggaagtt gtgcgctca gaactcggc agggagaacg 660  
 ctggtgttga caccagatca cccgctttg acccccgaag gttggaaacc tctttgtgac 720  
 ctcccgttg gaactccaat tgcagtcctc gcagaactgc ctgtggcggg ccaactggcc 780  
 ccacctgaag aacgtgttac gctctggtt cttctgttgg gggatgggaa cacaagctg 840  
 teggtegga gaggtacag tcctattgcc ttctctaca gcaaagacc cgaattgctc 900  
 gcggttate gccggtgtgc agaagccttg ggtgcaaagg tgaaagcata cgccaccg 960  
 actacggggg tggttacact cgcaaccctc gctccacgct ctggagctca agatcctgct 1020  
 aaacgcctcg ttgtcgagge gggaatggtt gctaaagccg aagagaagag ggtcccggag 1080  
 gaggtgttct gttaccggcg tgaggcgttg gccctttct tgggccgttt gttctcgaca 1140

gacggctctg ttgaaaagaa gaggatctct tattcaagtg ccagtttggg actggccccag 1200  
 gatgtcgac atctcttgcg gcgccttgga attacatctc aactcgttc gagagggcca 1260  
 egggtcacc aggttcttat atcgggcccgc gaggatattt tgcggtttgc tgaacttate 1320  
 ggacctacc tcttgggggc caagaggag agacttgcag cgtggaagc tgaggccccgc 1380  
 aggcgtttgc ctggacaggg atggcacttg cggcttgttc ttctgcctg ggcgtacaga 1440  
 gtgagcgagg ctaaaaggcg ctcgggattt tctggagtg aagcgggtcg gcgcgtcgca 1500  
 gttgcgggat cgtgtttgc atctggactc aacctcaaat tgcccagacg ctacctttct 1560  
 cggcaccggt tgcgtctgct cggtaggct tttgcgcacc ctgggctgga agcgtcgcg 1620  
 gaaggccaag tgctctggga cctattgtt gctgtcgac cgccgggtaa ggcgagaaca 1680  
 ttgacttgc gcgttcacc ctttgcaaac ttctgagcg aggacctggt ggtgcataac 1740  
 tccattgtgg ggacagccac gttegatcag tactggagcg tgcgcacctc taagcggact 1800  
 tcaggaacag tgaccgtgac cgatcacttc cgcgcctggg cgaaccgggg cctgaacctc 1860  
 ggcacaatag accaaattac attgtgcgtg gagggttacc aaagctctgg atcagccaac 1920  
 atcaccaga acaccttctc tcagggtct tcttcgggca gttegggtgg ctcatcgcg 1980  
 tccacaacga ctactcgat cgagtgtgag aacatgtct tgcgcggacc ctacgttagc 2040  
 aggatcacca atcccttaa tggattgcg ctgtacgcca acggagacac agccgcgct 2100  
 accgttaact tcccgcgaag tcgcaactac aatttcgcc tgcggggttg cggcaacaac 2160  
 aataatcttg cccgtgtgga cctgaggatc gacggacgga ccgtcgggac cttttattac 2220  
 cagggcacat acccctggga ggcccccaatt gacaatgtt atgtcagtgc ggggagtcac 2280  
 acagtgcgaa tctctgttac tgcggataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg 2340

gtgatacag

S158-3103 (SEQ ID NO: 36)

S158-3108 (SEQ ID NO: 37)

S158-30 (SEQ ID NO: 38)

atgttcctta agaaactgtc taagttgctg ctgcgtgc tcttgttgc cgtttacaca 60  
 caggteaacg cgcaacaag cattactctg acatccaacg catccggtac gtttgacggt 120  
 tactattacg aactctggaa ggatactgga aatacaaca tgacgggtta cactcaaggt 180  
 cgttttctt gccagtggc gaacatcaat aacgcgtgt ttaggaccgg gaagaaatac 240  
 aaccagaatt ggcagtctct tggcacaatc cggatcacgt actctgcgac ttacaacca 300

aacgggaact cctacttggt tatctatggc tggctacca acccattggt cgagttctac 360  
 atcgttgagt cctgggggaa ctggagaccg cctggtgccg cgtccctggg ccaagtgaca 420  
 atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttgectggcc 480  
 gagggctcgc tegtcttggg cgggctacc gggcagaggg tccctatcga aaaggtgcgt 540  
 ccggggatgg aagttttctc cttgggacct gattacagac tgtatcgggt gcccgtttg 600  
 gaggtccttg agagcggggg tagggaagtt gtgcgctca gaactcggc agggagaacg 660  
 ctggtgtga caccagatca cccgctttg accccgaag gttggaaacc tctttgtgac 720  
 cteccgcttg gaactccaat tgcagtcctc gcagaactgc ctgtggcggg ccacttgccc 780  
 ccacctgaag aacgtgttac gctcctggct cttctgttgg gggatgggaa cacaagctg 840  
 tegggtcgga gaggtacacg tctaattgcc ttctctaca gcaaagacc cgaattgctc 900  
 gcggcttacc gccggtgtgc agaagccttg ggtgcaaagg tgaaagcata cgtccaccg 960  
 actacggggg tggttacact cgcaaccctc gctccacgct ctggagctca agatcctgct 1020  
 aaacgcctcg ttgtcgagcg gggaatggtt gctaaagccg aagagaagag ggtcccgag 1080  
 gaggtgttc gttaccggcg tgaggcggtg gccctttct tgggcggtt gttctcgaca 1140  
 gacgctctg ttgaaaagaa gaggatctct tattcaagt ccagttggg actggcccag 1200  
 gatgtcgac atctcttgc ggccttggg attacatctc aactccttc gagagggcca 1260  
 cgggtcagc aggttctat atcgggcgc gaggatattt tgcggttgc tgaacttacc 1320  
 ggacctacc tctgggggca caagaggag agactgcag cgtggaagc tgaggcccgc 1380  
 aggcgttgc ctggacagg atggcaactg cggtgttc ttctgcct ggctacaga 1440  
 gtgagcgagg ctaaaaggcg ctgggattt tctggagtg aagcggctg gcgcgtcgca 1500  
 gttcgggat cgtgttgc atctggact aacctcaat tgcccagac ctaccttct 1560  
 cggcaccggt tctgatgct cggtaggct ttgcgcacc ctgggtgga agegctcgcg 1620  
 gaaggccaag tctctggga cctattgtt gctgtcgaa cggccggtaa ggcgagaaca 1680  
 ttgactgc gcgtccacc ctttgcac ttcgtgagc aggacctggt ggtgcatac 1740  
 tccattgtg ggacagccac gtgcagcag tactggagc tgcgcacctc taageggact 1800  
 tcaggaacag tgacctgac cgatcctc cgcctggg cgaaccggg cctgaacctc 1860  
 ggcaaatag accaaattac attgtgcgtg gagggttacc aaagctctg atcagccaac 1920  
 atcaccaga acacttctc tcaggctct tctcggca gttcgggtg ctcacggc 1980  
 tccacaaga ctactcgc atgagtgag aacatgtct tgcgggacc ctacgttagc 2040  
 aggateacca atcccttaa tggattgc ctgtaccca acggagacac ageccgcgt 2100  
 accgttaact tcccgcag tcgcaactac aatttcgcc tgcggggtg cggcaacaac 2160  
 aataatctg ccggtgtgga cctgagatc gacggacgga cgtcgggac cttttattac 2220

**cagggcacat acccctggga ggccccaatt gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac 2280**

**acagtega aa tcactgttac tgggataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg 2340**

**gtgatacag**

## **Referencias**

1. <bibcit> Nelson, E., Tilman, D., Polasky, S, Tiffany D. Environmental, economic, and energetic costs and benefits of biodiesel and ethanol biofuels. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 103:11206-11210(2006).
- 5 2. Klass, DL. Biomass for renewable energy and fuels. In *Encyclopedia of Energy*, ed. CJ Cleveland, 1, 193-212 (2004). London: Elsevier.
3. Lynd, L.R, Laser, M.S., Bransby, D., Dale, B.E., Davison, B., Hamilton, R., Himmel, M., Keller, M., McMillan, J.D., Sheehan, J., Wyman, C.E. How biotech can transform biofuels. *Nature Biotechnology*, 26:169-172 (2008).
- 10 4. Himmel, M.E., Ding, S.Y., Johnson, D.K., Adney, W.S., Nimlos, M.R., Brady, J.W., Foust, T.D. Biomass Recalcitrance: Engineering Plants and Enzymes for Biofuels Production. *Science*, 315:804-807, 2007.
5. Hood, E.E., Love, R., Lane, J., Bray, J., Clough, R., Pappu, K., Drees, C., Hood, K.R., Yoon, S., Ahmad, A., Howard, J.A. Subcellular targeting is a key condition for high-level accumulation of cellulase protein in transgenic maize seed. *Plant Biotechnology Journal*, 5:1-11, 2007.
- 15 6. Lynd LR, van Zyl WH, McBride JE, Laser M. Consolidated bioprocessing of cellulosic biomass: an update. *Curr Opin Biotechnol*. 2005;16(5):577-83.
7. Sairam, R.V., Al-Abed, D., Johnson, J., Muszynski, M.G., Raab, M., Reddy, T.V., Goldman, S. 2008. Maize. In *Compendium of Transgenic Crop Plants: Transgenic Cereals and Forage Grasses*, ed. C. Kole y T.C. Hall, 2:49 - 81. Blackwell Publishing, Ltd.
- 20 8. Sainz, M.B. Commercial cellulosic ethanol: The role of plant expressed enzymes. *In Vitro Cell. Dev. Biol. --- Plant*, 45:314-329, 2009.
9. Harholt, J., Bach IC, Lind-Bouquin S, Nunan KJ, Madrid SM, Brinch-Pedersen H, Holm PB, Scheller HV. Generation of transgenic wheat (*Triticum aestivum* L.) accumulating heterologous endo-xylanase or ferulic acid esterase in the endosperm. *Plant Biotechnol J*. 8:351-362 (2010).
- 25 10. Hood EE, Bailey MR, Beifuss K, Magallanes-Lundback M, Horn ME, Callaway E, Delaney DE, Clough R, Howard JA. Criteria for high-level expression of a fungal laccase gene in transgenic maize. *Plant Biotechnol J*. 2003 Mar;1(2):129-40.
11. Taylor, L.E., Dai, Z., Decker, S.R., Brunecky, R., Adney, W.S., Ding, S.Y., Himmel, M.E. Heterologous expression of glycosyl hydrolases in planta: a new departure for biofuels. *TIBTEC.*, 26(8):413-424, 2008.
- 30 12. Perler, F.B., Davis, E.O., Dean, G.E., Gimble, F.S., Jack, W.E., Neff, N., Noren, C.J., Thorner, J., Belfort, M. Protein splicing elements: inteins and exteins - a definition of terms and recommended nomenclature. *Nucleic Acids Research*, 22(7):1125-1127, 1994.
13. Saleh L, Perler FB. Protein splicing in cis and trans. *Chem Rec*. 2006;6(4):183-93. Review.
14. Xu, M.Q., Southworth, M.W., Mersha, F.B., Hornstra, L.J., Perler, F.P. In vitro protein splicing of purified precursor and the identification of a branched intermediate. *Cell*, 75:1371-1377, 1993.
- 35 15. Xu MQ, Perler FB. The mechanism of protein splicing and its modulation by mutation. *EMBO J*. 1996 Oct 1;15(19):5146-53.
16. Tan C, Bellaiche Y, Cherry S, Häder S, Gayko U, Perrimon N. Temperature-sensitive control of protein activity by conditionally splicing inteins. *Nat Biotechnol*. 2004 Jul;22(7):871-6. Epub 2004 Jun 6.
- 40 17. Mootz HD, Blum ES, Tyszkiewicz AB, Muir TW. Conditional protein splicing: anew tool to control protein structure and function in vitro and in vivo. *J Am Chem Soc*. 2003 Sep 3;125(35):10561-9
18. Evanko D. Controlling proteins the intein way. *Nat Methods*. 2007 Feb;4(2):112-3.
19. Selig, M.J., Knoshaug, E.P., Adney, W.S., Himmel, M.E., Decker, S.R., Synergistic enhancement of cellobiohydrolase performance on pretreated corn stover by addition of xylanase and esterase activities. *Bioresource Technology*, 99:4997-5005, 2008.

20. Selig, M.J., Adney, W.S., Himmel, M.E., Decker, S.R. The impact of cell wall acetylation on corn stover hydrolysis by cellulolytic and xylanolytic enzymes. *Cellulose*, 16:711-722, 2009.
21. Dylan, D, y Cann, I., Enzymatic deconstruction of xylan for biofuel production. *Glob Change Biol Bioenergy*. 2009 February; 1(1):2-17.
- 5 22. Amitai G, Callahan BP, Stanger MJ, Belfort G, Belfort M. Modulation of intein activity by its neighboring extein substrates. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2009 Jul 7;106(27):11005-10. Epub 2009 Jun 17.
23. Rogers, J.C. Two barley alpha-amylase gene families are regulated differently in aleurone cells. *J. Biol. Chem.*, 260:3731-3738, 1985.
- 10 24. Lebler, J. Economics improve for first commercial cellulosic ethanol plants. *New York Times*, February 16, 2010.
25. Mosier, N., Wyman, C., Dale, B., Elander, R., Lee, Y.Y., Holtzapple, M., Ladisch, M. Features of promising technologies for pretreatment of lignocellulosic biomass. *Bioresource Tech*. 96:673-686, 2005.
26. Berrondo M, Ostermeier M, Gray JJ. Structure prediction of domain insertion proteins from structures of individual domains. *Structure*. 2008;16(4):513-27.
- 15 27. C. A. Rohl, C. E. Strauss, K. M. S. Misura, D. Baker. Protein structure prediction using Rosetta. *Methods in Enzymology*, 383:66-93 (2004).
28. C. A. Rohl. Protein structure estimation from minimal restraints using Rosetta. *Methods in Enzymology*, 394:244-260 (2005).
- 20 29. B. Kuhlman, G. Dantas, G. C. Ireton, G. Varani, B. L. Stoddard, D. Baker, Design of a novel globular protein fold with atomic-level accuracy. *Science*, 302:1364-1368 (2003).
30. Hiei Y., Ohta S., Komari T., y Kumashiro T. Efficient transformation of rice (*Oryza sativa* L.) mediated by *Agrobacterium* and sequence analysis of the boundaries of the T-DNA. *Plant J*. 6: 271-282 (1994)
31. Ishida Y., Saito H., Ohta S., Hiei Y., Komari T., y Kumashiro T. High efficiency transformation of maize (*Zea mays* L.) mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. *Nature Biotech*. 14: 745 (1996)
- 25 32. Hiei, Y., y Komari, T. Improved protocols for transformation of indica rice mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 85, 271-283 (2006)
33. Komari T., Hiei Y., Saito Y., Mural N., y Kumashiro T. Vectors carrying two separate T-DNAs for cotransformation of higher plants mediated by *Agrobacterium tumefaciens* and segregation of transformants free from selection markers. *Plant J*. 10:165-174 (1996)
- 30 34. Negrotto D., Jolley M., Beer s., Wenck A.R., Hansen G. The use of phosphomannose-isomerase as a selectable marker to recover transgenic maize plants (*Zea mays* L.) via *Agrobacterium* transformation. *Plant Cell Reports* (2000)19:798-803.
- 35 35. NREL Laboratory Analytical Procedure (LAP) technical report (NREL/TP-510-42623): A. Sluiter, B. Hames, R. Ruiz, C. Scarlata, J. Sluiter, y D. Templeton," Determination of Sugars, Byproducts, and Degradation Products in Liquid Fraction Process Samples". 14 Pp.
36. Sivamani, E., y Qu, R. Expression enhancement of a rice polyubiquitin gene promoter. *Plant Molecular Biology*, 60:225-239, 2006.
37. Arnold K., Bordoli L., Kopp J., y Schwede T. (2006). The SWISS-MODEL Workspace: A web-based environment for protein structure homology modelling. *Bioinformatics*, 22,195-201.
- 40 38. Kiefer F, Arnold K, Künzli M, Bordoli L, Schwede T (2009). The SWISS-MODEL Repository and associated resources. *Nucleic Acids Research*. 37, D387-D392.
39. Schwede T, Kopp J, Guex N, y Peitsch MC (2003) SWISS-MODEL: an automated protein homology-modeling server. *Nucleic Acids Research* 31: 3381-3385.
- 45 40. Guex, N. y Peitsch, M. C. (1997) SWISS-MODEL and the Swiss-PdbViewer: An environment for comparative protein modelling. *Electrophoresis* 18: 2714-2723.
41. Peitsch, M. C. Protein modelling by E-mail. *Bio/Technology*, 1995 13: 658-660.
42. Borhardt, B y col. Autohydrolysis of plant xylans by apoplastic expression of thermophilic bacterial endo-xylanases. *Plant Biotechnol J*. 2010, Vol 8(3): 363-374.

**Resumen**

El bioprocesamiento consolidado *in planta* tiene las ventajas de un menor coste de pretratamiento de la biomasa, utilizar el exceso de la capacidad de producción de proteína vegetal para la producción enzimática, y menor resistencia de transferencia de masa a la difusión de enzimas en su sustrato. Sin embargo, la expresión *in planta* de enzimas que degradan la pared celular (DPC) a menudo da lugar a fenotipos vegetales perjudiciales que tienen un impacto en la producción de grano. Para proporcionar una actividad enzimática DPC *in planta* sin un fenotipo adverso, se modificó una xilanasa termoestable, XynB (EC 3.2.1.8), con una inteína termorregulada, Tth-HB27DnaE-1 (inteína Tth), que controlaba su actividad hidrolítica por medio de un corte y empalme de inteína condicionado. Las plantas de maíz que expresaban la XynB modificada por una inteína Tth se desarrollaban normalmente, incluso poseían un aumento de la producción de glucosa tras la cosecha a partir del forraje seco de maíz. La expresión de enzimas DPC como proteínas durmientes modificadas por una inteína que se pueden activar por tratamiento con calor tras la cosecha, proporciona la base del desarrollo de una nueva característica del procesamiento celulósico en las plantas.

**Listado de secuencias sustituto**

<110> Agrivida, Inc. Shen, Binzhang Apgar, James Bougri, Oleg Raab, R. Michael

<120> DESARROLLO DE UNA CARACTERÍSTICA DE PROCESAMIENTO CELULÓSICO UTILIZANDO UNA XILANASA MODIFICADA POR UNA INTEÍNA TERMORREGULADA

<130> AGR-PT013WO

<150> 61/377.759

<151> 27-08-2010

<160> 74

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

<211> 2277

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-39

<400> 1

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacgggta ctattacgaa   | 60   |
| ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acgggtctaca ctcaagggtcg ctttttctgc | 120  |
| cagtggtcga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg   | 180  |
| cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaaccocaa cgggaactcc   | 240  |
| tacttggtga tctatggctg gtctaccaac ccattggctg agttctacat cgttgagtcc   | 300  |
| tgggggaact ggagaccgcc tgggtgccacg tccctgggcc aagtgacaat cgatggcggg  | 360  |
| acctacgaca tctataggac gacacgcgtc aaccagcctt gcctggccga gggctcgctc   | 420  |
| gtcttggaag cggctaccgg gcagagggtc cctatcgaaa aggtgcgtcc ggggatggaa   | 480  |
| gttttctcct tgggaacctga ttacagactg tatcggtgc ccgttttgga ggtccttgag   | 540  |
| agcgggggtg gggaggtgt gcgcctcaga actcggtcag ggagaacgct ggtgttgaca    | 600  |
| ccagatcacc cgccttttgac cccgaagggt tggaaacctc tttgtgacct cccgcttgga  | 660  |
| actccaattg cagtccccgc agaactgcct gtggcgggcc acttgcccc acctgaagaa    | 720  |
| cgtgttacgc tccctggctct tctgttggg gatgggaaca caaagctgc gggtcggaga    | 780  |
| ggtacacgtc ctaatgcctt ottctacagc aaagaccccg aattgctcgc ggcttatcgc   | 840  |
| cgggtgtcag aagccttggg tgcaaagggt aaagcatacg tccaccgcac tacgggggtg   | 900  |
| gttacctcgc caaccctcgc tccacgtcct ggagctcaag atoctgtcaa acgcctcgtt   | 960  |
| gtcgaggcgg gaatggtgc taaagccgaa gagaagaggg tcccgaggga ggtgtttcgt    | 1020 |

taccggcgctg aggcgttggc cctttttcttg ggccgtttgt cctcgacaga cggctctgtt 1080  
gaaaggaaga ggatctctta ttcaagtgcc agtttgggac tggcccagga tgtcgacat 1140  
ctcttgctgc gccttggaat tacatctcaa ctccgttcga gagggccacg ggctcacgag 1200  
gttcttatat cgggccgcga ggatattttg cggtttgctg aacttatcgg accctacctc 1260  
ttggggggcca agagggagag acttgcagcg ctggaagctg agggccgcag gcgtttgcct 1320  
ggacagggat ggcacttgcg gcttgttctt cctgccgtgg cgtacagagt gagcgaggct 1380  
aaaaggcgct cgggattttc gtggagtga gccggtcagc gcgtcgcagt tgccgggatcg 1440  
tgtttgtcat ctggactcaa cctcaaattg cccagacgct acctttctcg gcaccggttg 1500  
tcgctgctcg gtgaggcttt tgccgacctt gggctggaag cgctcgcgga agggcaagtg 1560  
ctctgggacc ctattgttgc tgtcgaaccg gccggtaagg cgagaacatt cgacttgcgc 1620  
gttccaccct ttgcaaactt cgtgagcgag gacctggtgg tgcataactc cattgtgggg 1680  
acagccacgt tcgatcagta ctggagcggtg cgcacctcta agcggacttc aggaacagtg 1740  
accgtgaccg atcacttccg cgcctggggc aaccggggcc tgaacctcgg cacaatagac 1800  
caaattacat tgtgctgga gggttaccaa agctctggat cagccaacat caccagaac 1860  
accttctctc agggctcttc ttccggcagt tcgggtggct catccggctc cacaacgact 1920  
actcgcatcg agtgtgagaa catgtccttg tccggacctt acgttagcag gatcaccaat 1980  
ccctttaatg gtattgcgct gtacgccaac ggagacacag cccgcgctac cgttaacttc 2040  
cccgaagtc gcaactacaa tttccgcctg cgggggttgcg gcaacaacaa taatcttgcc 2100  
cgtgtggacc tgaggatcga cggacggacc gtcgggacct tttattacca gggcacatac 2160  
ccctgggagg cccaattga caatgtttat gtcagtgcgg ggagtcatac agtcgaaatc 2220  
actgttactg cggataacgg cacatgggac gtgtatgccg actacctggt gatacag 2277

<210>2

<211> 759

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-39

10 <400>2

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly  
1 5 10 15

Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val  
20 25 30

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala  
35 40 45

Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu Gly  
 50 55 60

Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn Ser  
 65 70 75 80

Tyr Leu Cys Ile Tyr Gly Trp Ser Thr Asn Pro Leu Val Glu Phe Tyr  
 85 90 95

Ile Val Glu Ser Trp Gly Asn Trp Arg Pro Pro Gly Ala Thr Ser Leu  
 100 105 110

Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr Thr  
 115 120 125

Arg Val Asn Gln Pro Cys Leu Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala  
 130 135 140

Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu  
 145 150 155 160

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

Glu Val Leu Glu Ser Gly Val Gly Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg  
 180 185 190

Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro  
 195 200 205

Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala  
 210 215 220

Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu  
 225 230 235 240

Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu  
 245 250 255

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

Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala  
 275 280 285

Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala

# ES 2 579 054 T3

| 290                                                                                | 295 | 300 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val<br>305 310 315 320 |     |     |
| Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu<br>325 330 335     |     |     |
| Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg<br>340 345 350     |     |     |
| Leu Ser Ser Thr Asp Gly Ser Val Glu Arg Lys Arg Ile Ser Tyr Ser<br>355 360 365     |     |     |
| Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg<br>370 375 380     |     |     |
| Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu<br>385 390 395 400 |     |     |
| Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile<br>405 410 415     |     |     |
| Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu<br>420 425 430     |     |     |
| Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu<br>435 440 445     |     |     |
| Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser<br>450 455 460     |     |     |
| Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Gln Arg Val Ala Val Ala Gly Ser<br>465 470 475 480 |     |     |
| Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser<br>485 490 495     |     |     |
| Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu<br>500 505 510     |     |     |
| Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val<br>515 520 525     |     |     |
| Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe<br>530 535 540     |     |     |

Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Ser Ile Val Gly  
 545 550 555 560

Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr  
 565 570 575

Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg  
 580 585 590

Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly  
 595 600 605

Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln  
 610 615 620

Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr  
 625 630 635 640

Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser  
 645 650 655

Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp  
 660 665 670

Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe  
 675 680 685

Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu  
 690 695 700

Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr  
 705 710 715 720

Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His  
 725 730 735

Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr  
 740 745 750

Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
 755

<210> 3

<211> 2277

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-21

&lt;400&gt;3

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacgggta ctattacgaa  | 60   |
| ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaaggctg cttttcctgc  | 120  |
| cagtggctga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg  | 180  |
| cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc  | 240  |
| tacttggtga tctatggctg gtctaccaac ccattggctg agttctacat cgttgagtcc  | 300  |
| tgggggaact ggagaccgcc tgggtgccacg tccctgggcc aagtgacaat cgatggcggg | 360  |
| acctacgaca tctataggac gacacgcgtc aaccagcctt gcctggccga gggctcgtc   | 420  |
| gtcttgagcg cggctaccgg gcagaggggc cctatcgaaa aggtgcgtcc ggggatggaa  | 480  |
| gttttctcct tgggacctga ttacagactg tatcgggtgc ccgttttgga ggtccttgag  | 540  |
| agcgggggta gggaagttgt gcgcctcaga actcgggtcag ggagaacgct ggtgttgaca | 600  |
| ccagatcacc cgcttttgac cccgaaggt tggaaacctc tttgtgacct ccgccttga    | 660  |
| actccaattg cagtccccgc agaactgcct gtggcgggcc acttgccccc acctgaagaa  | 720  |
| cgtgttacgc tcctggctct tctgttgggg gatgggaaca caaagctgtc gggctcgaga  | 780  |
| ggtacacgtc ctaatgcctt cttctacagc aaagaccccg aattgctcgc ggcttatcgc  | 840  |
| cgggtgtggag aagccttggg tgcaaagggt aaagcatacg tccacccgac tacgggggtg | 900  |
| gttacactcg caaccctcgc tccacgtcct ggagctcaag atcctgtcaa acgcctcgtt  | 960  |
| gtcgaggcgg gaatggttgc taaagccgaa gagaagaggg tcccgaggga ggtgtttcgt  | 1020 |
| taccggcgtg aggcgttggc ccttttcttg ggcggttgt tctcgacaga cggctctgtt   | 1080 |
| gaaaagaaga ggatctctta ttcaagtgcc agtttgggac tggcccagga tgtcgacat   | 1140 |
| ctcttgctgc gccttggaa tacatctcaa ctccgttcga gagggccacg ggctcacgag   | 1200 |
| gttcttatat cgggcccga ggatattttg cggtttgctg aacttatcgg acctacctc    | 1260 |
| ttgggggcca agaggagag acttgacagc ctggaagctg aggccgcag gcgtttgcct    | 1320 |
| ggacagggat ggcacttgcg gcttggttctt cctgccgtgg cgtacagagt gagcgaggct | 1380 |
| aaaaggcgtc cgggattttc gtggagtga gccggtcggc gcgtcgcagt tgccggatcg   | 1440 |
| tgtttgtcat ctggactcaa cctcaaattg ccagacgct acctttctca gcaccggtt    | 1500 |
| tcgctgctcg gtgaggcttt tgccgacct gggctggaag cgctcgcgga aggccaaagt   | 1560 |
| ctctgggacc ctattgttgc tgtcgaaccg gccggttaagg cgagaacatt cgacttgccg | 1620 |
| gttccacctt ttgcaaaact cgtgagcgag gacctggtg tgacataact cattgtgggg   | 1680 |
| acagccacgt tcgatcagta ctggagcgtg cgcacctcta agcggacttc aggaacagtg  | 1740 |
| accgtgaccg atcaacttcg cgcctgggcg aaccggggcc tgaacctcgg cacaatagac  | 1800 |
| caaattacat tgtgcgtgga gggttaccaa agctctggat cagccaacat caccagaac   | 1860 |

acettctctc agggctcttc ttccggcagt tcgggtggct catccggtc cacaacgact 1920  
 actcgcacgc agtgtgagaa catgtccttg tccggaccct acgttagcag gatcaccaat 1980  
 ccctttaatg gtattgcgct gtacgccaac ggagacacag cccgcgtac cgtaaacttc 2040  
 cccgcaagtc gcaactacaa tttccgcctg cgggggttgcg gcaacaacaa taatcttgcc 2100  
 cgtgtggacc tgaggatcga cggacggacc gtccggacct tttattacca gggcacatac 2160  
 ccctgggagg ccccaattga caatgtttat gtcagtgcgg ggagtcatac agtcgaaatc 2220  
 actgttactg cggataacgg cacatgggac gtgtatgccg actacctggt gatacag 2277

<210> 4

<211> 759

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-21

10 <400> 4

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly  
 1 5 10 15

Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val  
 20 25 30

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala  
 35 40 45

Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu Gly  
 50 55 60

Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn Ser  
 65 70 75 80

Tyr Leu Cys Ile Tyr Gly Trp Ser Thr Asn Pro Leu Val Glu Phe Tyr  
 85 90 95

Ile Val Glu Ser Trp Gly Asn Trp Arg Pro Pro Gly Ala Thr Ser Leu  
 100 105 110

Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr Thr  
 115 120 125

Arg Val Asn Gln Pro Cys Leu Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala  
 130 135 140

Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu

|                                                                 |  |     |  |     |  |     |
|-----------------------------------------------------------------|--|-----|--|-----|--|-----|
| 145                                                             |  | 150 |  | 155 |  | 160 |
| Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 165 |  | 170 |  | 175 |
| Glu Val Leu Glu Ser Gly Val Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 180 |  | 185 |  | 190 |
| Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 195 |  | 200 |  | 205 |
| Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 210 |  | 215 |  | 220 |
| Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 225 |  | 230 |  | 235 |
| Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 245 |  | 250 |  | 255 |
| Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys Asp |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 260 |  | 265 |  | 270 |
| Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Cys Gly Glu Ala Leu Gly Ala |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 275 |  | 280 |  | 285 |
| Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 290 |  | 295 |  | 300 |
| Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 305 |  | 310 |  | 315 |
| Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 325 |  | 330 |  | 335 |
| Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 340 |  | 345 |  | 350 |
| Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 355 |  | 360 |  | 365 |
| Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 370 |  | 375 |  | 380 |
| Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 385 |  | 390 |  | 395 |
|                                                                 |  |     |  |     |  | 400 |

Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile  
405 410 415

Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu  
420 425 430

Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu  
435 440 445

Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser  
450 455 460

Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser  
465 470 475 480

Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser  
485 490 495

Gln His Arg Leu Ser Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu  
500 505 510

Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val  
515 520 525

Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe  
530 535 540

Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Ser Ile Val Gly  
545 550 555 560

Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr  
565 570 575

Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg  
580 585 590

Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly  
595 600 605

Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln  
610 615 620

Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr  
625 630 635 640

Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser  
645 650 655

Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp  
660 665 670

Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe  
675 680 685

Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu  
690 695 700

Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr  
705 710 715 720

Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His  
725 730 735

Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr  
740 745 750

Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755

<210> 5

<211> 2280

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-180

10 <400>5

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacgggta ctattacgaa  | 60  |
| ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaagggtcg cttttcctgc | 120 |
| cagtgggtcga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg | 180 |
| cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cggaactcc   | 240 |
| tacttggtga tctatggctg gtctaccaac ccattgggtcg agttctacat cgttgagtc  | 300 |
| tgggggaact ggagaccgcc tgggtgcctgc ctggccgagg gctcgctcgt cttggacgcg | 360 |
| gctaccgggc agagggtccc tatcgaaaag gtgcgtccgg ggatggaagt tttctccttg  | 420 |
| ggacctgatt acagactgta tcgggtgccc gttttggagg tccttgagag cggggttagg  | 480 |
| gaagttgtgc gcctcagaac tcggtcaggg agaacgctgg tgttgacacc agatcaccgc  | 540 |
| cttttgacct ccgaagggtg gaaacctctt tgtgacctcc cgcttggaac tccaattgca  | 600 |
| gtccccgcag aactgcctgt ggcgggccac ttggccccac ctgaagaacg tgttacgctc  | 660 |
| ctggctcttc tgttggggga tgggaacaca aagctgtcgg gtcggagagg tacacgtcct  | 720 |
| aatgccttct tctacagcaa agaccccgaa ttgctcgcgg cttatcgccg gtgtgcagaa  | 780 |

gccttgggtg caaaggtgaa agcatacgtc caccgcacta cgggggtggt tacactcgca 840  
 accctcgctc cacgtcctgg agctcaagat cctgtcaaac gcctcgttgt cgaggcggga 900  
 atggttgcta aagccgaaga gaagagggtc ccggaggagg tgtttcgtta ccggcgtgag 960  
 gcgttggccc ttttcttggg ccgtttgttc tcgacagacg gctctgttga aaagaagagg 1020  
 atctcttatt caagtgccag tttgggactg gcccaggatg tcgcacatct cttgctgcgc 1080  
 cttggaatta catctcaact ccgttcgaga gggccacggg ctacagaggt tcttatatcg 1140  
 ggccgcgagg atattttgcg gtttgctgaa cttatcggac octaactctt gggggccaag 1200  
 agggagagac ttgcagcgct ggaagctgag gccgcaggc gtttgccctgg acagggatgg 1260  
 caottgcggc ttgtttcttc tgccgtggcg tacagagtga gcgaggctaa aaggcgctcg 1320  
 ggattttcgt ggagtgaagc cggtcggcg ctcgcagttg cgggatcgtg tttgtcatct 1380  
 ggactcaacc tcaaattgcc cagacgtac ctttctcggc accggttgct gctgctcggg 1440  
 gaggtttttg ccgaccctgg gctggaagcg ctgcgcgaag gccaaagtgt ctgggaccct 1500  
 attgttgctg tcgaaccggc cggtaaggcg agaacattcg acttgccgct tocacccttt 1560  
 gcaaacttgc tgagcgagga cctggtggtg cataaacagt ccccatggg ccaagtgaca 1620  
 atcgatggcg ggaactacga catctatagg acgacacgcg tcaaacagcc ttccattgtg 1680  
 gggacagcca cgttcgatca gtactggagc gtgcgcacct ctaagcggac ttcaggaaca 1740  
 gtgaccgtga ccgatcactt ccgcgcctgg gcgaaccggg gcctgaacct cggcacaata 1800  
 gaccaaatta cattgtgcgt ggagggttac caaagctctg gatcagcaa catcaccag 1860  
 aacaccttct ctcaaggctc ttcttcggcg agttcgggtg gctcatcggg ctccacaacy 1920  
 actactcgca tcgagtgtga gaacatgtcc ttgtccggac octacgttag caggatcacc 1980  
 aatcccttta atggtattgc gctgtacgcc aacygagaca cagccgcgcg tacggttaac 2040  
 ttccccgcaa gtgcgaacta caatttcgcg ctgcgggggtt ggggcaaca caataatctt 2100  
 gcccggtggt acctgaggat cgacggacgg accgtcggga ctttttatta ccagggcaca 2160  
 taccctggg aggcccaat tgacaatgtt tatgtcagtg cggggagtca tacagtcgaa 2220  
 atcaactgtta ctgcggataa cggcacatgg gacgtgtatg ccgaactacct ggtgatacag 2280

<210> 6

<211> 760

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-180

10

<400>6

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly

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

Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro  
 260 265 270  
 Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala  
 275 280 285  
 Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys  
 290 295 300  
 Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu  
 305 310 315 320  
 Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val  
 325 330 335  
 Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln  
 340 345 350  
 Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg  
 355 360 365  
 Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp  
 370 375 380  
 Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys  
 385 390 395 400  
 Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro  
 405 410 415  
 Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg  
 420 425 430  
 Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly  
 435 440 445  
 Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu  
 450 455 460  
 Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly  
 465 470 475 480  
 Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val  
 485 490 495  
 Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr  
 500 505 510

Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu  
 515 520 525  
 Val Val His Asn Thr Ser Pro Met Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly  
 530 535 540  
 Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr Thr Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Val  
 545 550 555 560  
 Gly Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg  
 565 570 575  
 Thr Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn  
 580 585 590  
 Arg Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu  
 595 600 605  
 Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser  
 610 615 620  
 Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr  
 625 630 635 640  
 Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val  
 645 650 655  
 Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly  
 660 665 670  
 Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn  
 675 680 685  
 Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp  
 690 695 700  
 Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr  
 705 710 715 720  
 Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser  
 725 730 735  
 His Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val  
 740 745 750  
 Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
 755 760

<210> 7  
 <211> 2280  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

5

<220>  
 <223> Construcción sintética, T134-100-165

<400>7

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacggtta ctattacgaa  | 60   |
| ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaaggctg cttttcctgc  | 120  |
| cagtggctga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg  | 180  |
| cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc  | 240  |
| tacttggtga tctatggctg gtctaccaac ccattggctg agttctacat cgttgagtcc  | 300  |
| tgggggaact ggagaccgcc tggcgctgc ctggcggagg gctcgctcgt cttggacgcg   | 360  |
| gctaccgggc agagggtccc tatcgaaaag gtgcgtccgg ggatggaagt tttctccttg  | 420  |
| ggacctgatt acagactgta tcgggtgccc gttttggagg tccttgagag cggggtagg   | 480  |
| gaagttgtgc gcctcagaac tcggtcaggg agaacgctgg tgttgacacc agatcacccg  | 540  |
| cttttgaccc ccgaagggtg gaaacctctt tgtgacctcc cgcttggaac tccaattgca  | 600  |
| gtccccgcag aactgcctgt ggcgggccac ttggcccccac ctgaagaacg tggtacgctc | 660  |
| ctggctcttc tggtggggga tgggaacaca aagctgtcgg gtcggagagg tacacgtcct  | 720  |
| aatgccttct tctacagcaa aaaccccgaa ttgctcgcgg cttatcgccg gtgtgcagaa  | 780  |
| gccttggtg caaagggtga agcatagctc cacccgacta cgggggtggt tacactcgca   | 840  |
| accctcgctc cacgtcctgg agctcaagat cctgtcaaac gcctcgctgt cgaggcggga  | 900  |
| atggttgcta aagccgaaga gaagagggtc cgggaggagg tgtttcggtta ccggcgtgag | 960  |
| gcgttgcccc ttttcttggg ccgtttgttc tcgacagacg gctctgttga aaagaagagg  | 1020 |
| atctcttatt caagtgccag tttgggactg gccaggatg tcgcacatct cttgctgcgc   | 1080 |
| cttggaatta catctcaact ccgttcgaga gggccacggg ctcacgaggt tcttatatcg  | 1140 |
| ggccgcgagg atattttgcg gtttgctgaa cttatcgga cctacctctt gggggccaag   | 1200 |
| agggagagac ttgcagcgtt ggaagctgag gccgcaggg gtttgctgg acagggatgg    | 1260 |
| cacttgccgc ttgttcttcc tgccgtggcg tacagagtga gcgaggctaa aaggcgctcg  | 1320 |
| ggattttcgt ggagtgaagc cggtcggcgc gtcgcagttg cgggatcgtg tttgtcatct  | 1380 |
| ggactcaacc tcaaattgcc cagacgctac ctttctcggc accggttgct gctgctcgg   | 1440 |
| gaggcttttg ccgacctgg gctggaagcg ctgcgggaag gccaaagtgt ctgggacctt   | 1500 |
| attgttgctg tcgaaccggc cggttaaggcg agaacattcg acttgccgct tccacccttt | 1560 |

10

gcaaaacttcg tgagcgagga cctggtggtg cataacacccg tccccctggg ccaagtgaca 1620  
 atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttccattgtg 1680  
 gggacagcca cgttcgatca gtactggagc gtgcgcacct ctaagcggac ttcaggaaca 1740  
 gtgaccgtga ccgatcactt ccgcgcctgg gcgaaccggg gcctgaacct cggcacaata 1800  
 gaccaaatta cattgtgctg ggaggggttac caaagctctg gatcagccaa catcaccag 1860  
 aacaccttct ctgagggtc ttcttcggc agttcgggtg gctcatccgg ctccacaacg 1920  
 actactcgca tcgagtgtga gaacatgtcc ttgtccggac cctacgttag caggatcacc 1980  
 aatcccttta atggtattgc gctgtacgcc aacggagaca cagcccgccg taccgttaac 2040  
 ttccccgcaa gtgcgaacta caatttcgc ctgcgggggtt gcggcaacaa caataatctt 2100  
 gcccggtgtg acctgaggat cgacggacgg accgtcggga ccttttatta ccagggcaca 2160  
 taccocctggg agggcccaat tgacaatgtt tatgtcagtg cggggagtca tacagtcgaa 2220  
 atcactgtta gtgcggataa cggcacatgg gacgtgtatg ccgactacct ggtgatacag 2280

<210> 8

<211> 760

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-100-165

10 <400>8

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

Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile  
 115 120 125

Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp Tyr  
 130 135 140

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

Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr  
 165 170 175

Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp  
 180 185 190

Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala  
 195 200 205

Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu  
 210 215 220

Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro  
 225 230 235 240

Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys Asn Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg  
 245 250 255

Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro  
 260 265 270

Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala  
 275 280 285

Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys  
 290 295 300

Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu  
 305 310 315 320

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

Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln  
 340 345 350

Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg  
 355 360 365

Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp  
370 375 380

Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys  
385 390 395 400

Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro  
405 410 415

Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg  
420 425 430

Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly  
435 440 445

Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu  
450 455 460

Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly  
465 470 475 480

Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val  
485 490 495

Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr  
500 505 510

Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu  
515 520 525

Val Val His Asn Thr Val Pro Leu Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly  
530 535 540

Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr Thr Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Val  
545 550 555 560

Gly Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg  
565 570 575

Thr Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn  
580 585 590

Arg Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu  
595 600 605

Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser  
610 615 620

Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr  
625 630 635 640

Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val  
645 650 655

Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly  
660 665 670

Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn  
675 680 685

Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp  
690 695 700

Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr  
705 710 715 720

Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser  
725 730 735

His Thr Val Glu Ile Thr Val Ser Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val  
740 745 750

Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755 760

<210> 9

<211> 2280

5 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-10068

10

<400> 9

caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacggtta ctattacgaa 60

ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaaggtcg cttttcctgc 120

cagtggctga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg 180

cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc 240

tacttggtga tctatggctg gtctaccaac ccattggtcg agttctacat cgttgagtcc 300

tgggggaact ggagaccgcc tgggtgcctgc ctggccgagg gctcgctcgt cttggacgcg 360

gctaccgggc agaggggtccc tatcgaaaag gtgcgtccgg ggatggaagt tttctccctg 420

ggacctgatt acagactgta tcgggtgccc gttttggagg tccttgagag cgggggttagg 480

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gaagttgtgc gcctcagaac tcggtcagag agaacgctgg tgttgacacc agatcacccg  | 540  |
| cttttgaccc cogaaggttg gaaacctctt tgtgacctcc cgcttggaac tccaattgca  | 600  |
| gtccccgcag aactgcctgt ggcgggccac ttggccccac ctgaagaacg tgttacgctc  | 660  |
| ctggctcttc tgttggggga tgggaacaca aagctgtcgg gtcggagagg tacacgtcct  | 720  |
| aatgccttct tccacagcaa agaccccgaa ttgctcgcgg cttatcgccg gtgtgcagaa  | 780  |
| gccttgggtg caaaggtgaa agcatacgtc caccgcacta cgggggtggt tacaactcga  | 840  |
| accctcgccc cacgtcctgg agctcaagat cctgtcaaac gcctcgttgt cgaggcggga  | 900  |
| atggttgcta aagccgaaga gaagagggtc ccggaggagg tgtttcgtta ccggcgtgag  | 960  |
| gcgttgggcc ttttcttggg ccgtttgttc tcgacagacg gctctgttga aaagaagagg  | 1020 |
| atctcttatt caagtgccag tttggggctg gcccaggatg tcgcacatct cttgctgcgc  | 1080 |
| cttggaatta catctcaact ccgttcgaga gggccacggg ctcacgaggt tcttatatcg  | 1140 |
| ggccgcgagg atattttgcg gtttgcgtgaa cttatcggac cctacctctt gggggccaag | 1200 |
| agggagagac ttgcagcgct ggaagctgag gccgcaggc gtttgccctgt acagggatgg  | 1260 |
| cactcgcggc ttgttcttcc tgccgtggcg tacagagtga gcgaggctaa aaggcgctcg  | 1320 |
| ggattttcgt ggagtgaagc cggtcggcgc gtcgcagttg cgggatcgtg tttgtcatct  | 1380 |
| ggactcaacc tcaaattgcc cagacgtac ctttctcggc accggttgte gctgctcggt   | 1440 |
| gaggcttttg ccgacctgg gctggaagcg ctcgcggaag gccaaagtgt ctgggaccct   | 1500 |
| attgttgctg tcgaaccggc cggttaaggcg agaacattcg acttgccgct tccacccttt | 1560 |
| gcaaacttcg tgagcgagga cctggtggtg cataaacccg tccccctggg ccaagtgaca  | 1620 |
| atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacggc tcaaccagcc ttccattgtg  | 1680 |
| gggacagcca cgttcgatca gtactggagc gtgcgcacct ctaagcggac ttcaggaaca  | 1740 |
| gtgaccgtga ccgatcactt ccgcgcctgg gcgaaccggg gcctgaacct cggcacaata  | 1800 |
| gaccaaatta cattgtgcgt ggagggttac caaagctctg gatcagccaa catcacccag  | 1860 |
| aacaccttct ctcagggtc ttcttcggc agttcgggtg gctcatccg ctccacaacg     | 1920 |
| actactcgca tcgagtgtga gaacatgtcc ttgtccggac cctacgttag caggatcacc  | 1980 |
| aatcccttta atggtattgc gctgtacgcc aacggagaca cagcccgcg taccgttaac   | 2040 |
| ttccccgcaa gtcgcaacta caatttcgc ctgcggggtt gcggcaacaa caataatctt   | 2100 |
| gcccggtgg acctgaggat cgacggacgg accgtcggga ccttttatta ccagggcaca   | 2160 |
| taccctggg aggcccaat tgacaatgtt tatgtcagtg cggggagtca tacagtcgaa    | 2220 |
| atcactgtta ctgcggataa cggcacatgg gacgtgtatg ccgactacct ggtgatacag  | 2280 |

<210> 10

<211> 760

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; Construcción sintética, T134-10068

&lt;400&gt; 10

```

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly
1           5           10           15

Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val
          20           25           30

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala
          35           40           45

Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu Gly
          50           55           60

Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn Ser
65           70           75           80

Tyr Leu Cys Ile Tyr Gly Trp Ser Thr Asn Pro Leu Val Glu Phe Tyr
          85           90           95

Ile Val Glu Ser Trp Gly Asn Trp Arg Pro Pro Gly Ala Cys Leu Ala
          100          105          110

Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile
          115          120          125

Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp Tyr
          130          135          140

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

Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg Ser Glu Arg Thr Leu Val Leu Thr
          165          170          175

Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp
          180          185          190

Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala
          195          200          205

Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu
210          215          220

```

Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro  
 225 230 235 240  
 Asn Ala Phe Phe His Ser Lys Asp Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg  
 245 250 255  
 Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro  
 260 265 270  
 Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala  
 275 280 285  
 Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys  
 290 295 300  
 Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu  
 305 310 315 320  
 Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val  
 325 330 335  
 Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln  
 340 345 350  
 Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg  
 355 360 365  
 Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp  
 370 375 380  
 Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys  
 385 390 395 400  
 Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro  
 405 410 415  
 Val Gln Gly Trp His Ser Arg Leu Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg  
 420 425 430  
 Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly  
 435 440 445  
 Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu  
 450 455 460  
 Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly  
 465 470 475 480

Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val  
 485 490 495

Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr  
 500 505 510

Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu  
 515 520 525

Val Val His Asn Thr Val Pro Leu Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly  
 530 535 540

Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr Thr Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Val  
 545 550 555 560

Gly Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg  
 565 570 575

Thr Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn  
 580 585 590

Arg Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu  
 595 600 605

Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser  
 610 615 620

Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr  
 625 630 635 640

Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val  
 645 650 655

Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly  
 660 665 670

Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn  
 675 680 685

Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp  
 690 695 700

Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr  
 705 710 715 720

Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser

# ES 2 579 054 T3

725

730

735

His Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val  
740 745 750

Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755 760

<210> 11

<211> 2280

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-10039

10 <400> 11

```

caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacgggta ctattacgaa      60
ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acgggtctaca ctcaagggtcg cttttcctgc      120
cagtggtcga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg      180
cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc      240
tacttggtga tctatggctg gtctaccaac ccattgggtcg agttctacat cgttgagtcc      300
tgggggaact ggagaccgcc tgggtgcctgc ctggccgagg gctcgctcgt cttggacgcg      360
gctaccgggc agaggggtccc tatcgaaaag gtgcgtccgg ggatggaagt tttctccttg      420
ggacctgatt acagactgta tcgggtgccc gttttggagg tccttgagag cggggtagg      480
gaagttgtgc gcctcagaac tcggtcaggg agaacgctgg tgttgacacc agatcacccg      540
cttttgacct ccgaagggtt gaaacctctt tgtgacctcc cgcttggaac tccaattgca      600
gtccccgcag aactgcctgt ggccggccac ttggcccccac ctgaagaacg tgttacgctc      660
ctggctcttc tgttggggga tgggaacaca aagctgtcgg gtcggagagg tacacgtcct      720
aatgccttct tctacagcaa agaccccgaa ttgctcgcgg cttatcgccg gtgtgcagaa      780
gccttgggtg caaaggtgaa agcatacgtc caccgcacta cgggggtggg tacactcgca      840
acctcgctc cactgctgg agctcaagat cctgtcaaac gcctcgttgt cgaggcggga      900
atggttgcta aagccgaaga gaagagggtc ccggaggagg tgtttcgtta ccggcgtgag      960
gcgttggccc ttttcttggg ccgtttgttc tcgacagacg gctctgttga aaagaagagg      1020
atctcttatt caagtgccag tttgggactg gccaggatg tcgcacatct cttgctgcgc      1080
cttgggaatta catctcaact ccgttcgaga gggccacggg ctcacgaggt tcttatatcg      1140
ggccgcgagg atattttgcg gtttgctgaa cttatcggac cctacctctt gggggccaag      1200
agggagagac ttgcagcgct ggaagctgag gcccgcaggc gtttgctggg acagggatgg      1260
cacttgccgc ttgttcttcc tgccgtggcg tacagagtga gcgaggctaa aaggcgtcgc      1320

```

ggattttcgt ggagtgaagc cggtcggcgc gtcgcagttg cgggatcgtg tttgtcatct 1380  
 ggactcaacc tcaaattgcc cagacgctac ctttctcggc accggttgtc gctgctcggg 1440  
 gaggcttttg ccgaccctgg gctggaagcg ctgcgggaag gcctagtgtc ctgggaccct 1500  
 attgttgctg tcgaaccggc cggtaaggcg agaacattcg acttgccggt tccacccttt 1560  
 gcaaacttcg tgagcgagga cctgggtggtg cataacaccg tccccctggg ccaagtgaca 1620  
 atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttccattgtg 1680  
 gggacagcca cgttcgatca gtactggagc gtgcgcacct ctaagcggac ttcaggaaca 1740  
 gtgaccgtga ccgatcactt ccgcgcctgg gcgaaccggg gcctgaacct cggcacaata 1800  
 gaccaaatta cattgtgcgt ggaggggttac caaagctctg gatcagccaa catcaccag 1860  
 aacaccttct ctacgggctc ttcttcggc agttcgggtg gtcacccgg ctccacaacg 1920  
 actactcgca tcgagtgtga gaacatgtcc ttgtccggac cctacgttag caggatcacc 1980  
 aatcccttta atggtattgc gctgtacgcc aacggagaca cagcccgcg taccgttaac 2040  
 ttccccgcaa gtgcgaacta caatttcgc ctgcgggggtt ggggcaacaa caataatctt 2100  
 gcccggtgtg acctgaggat cgacggacgg accgtcggga ccttttatta ccagggcaca 2160  
 taccctggg agggcccaat tgacaatgtt tatgtcagtg cggggagtca tacagtcgaa 2220  
 atcactgtta ctgcggataa cggcacatgg gacgtgtatg ccgactacct ggtgatacag 2280

<210> 12

<211> 760

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-10039

10 <400> 12

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly  
 1 5 10 15

Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val  
 20 25 30

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala  
 35 40 45

Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu Gly  
 50 55 60

Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn Ser  
 65 70 75 80

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Tyr | Leu | Cys | Ile | Tyr | Gly | Trp | Ser | Thr | Asn | Pro | Leu | Val | Glu | Phe | Tyr | 85  | 90  | 95  |
| Ile | Val | Glu | Ser | Trp | Gly | Asn | Trp | Arg | Pro | Pro | Gly | Ala | Cys | Leu | Ala | 100 | 105 | 110 |
| Glu | Gly | Ser | Leu | Val | Leu | Asp | Ala | Ala | Thr | Gly | Gln | Arg | Val | Pro | Ile | 115 | 120 | 125 |
| Glu | Lys | Val | Arg | Pro | Gly | Met | Glu | Val | Phe | Ser | Leu | Gly | Pro | Asp | Tyr | 130 | 135 | 140 |
| Arg | Leu | Tyr | Arg | Val | Pro | Val | Leu | Glu | Val | Leu | Glu | Ser | Gly | Val | Arg | 145 | 150 | 155 |
| Glu | Val | Val | Arg | Leu | Arg | Thr | Arg | Ser | Gly | Arg | Thr | Leu | Val | Leu | Thr | 165 | 170 | 175 |
| Pro | Asp | His | Pro | Leu | Leu | Thr | Pro | Glu | Gly | Trp | Lys | Pro | Leu | Cys | Asp | 180 | 185 | 190 |
| Leu | Pro | Leu | Gly | Thr | Pro | Ile | Ala | Val | Pro | Ala | Glu | Leu | Pro | Val | Ala | 195 | 200 | 205 |
| Gly | His | Leu | Ala | Pro | Pro | Glu | Glu | Arg | Val | Thr | Leu | Leu | Ala | Leu | Leu | 210 | 215 | 220 |
| Leu | Gly | Asp | Gly | Asn | Thr | Lys | Leu | Ser | Gly | Arg | Arg | Gly | Thr | Arg | Pro | 225 | 230 | 235 |
| Asn | Ala | Phe | Phe | Tyr | Ser | Lys | Asp | Pro | Glu | Leu | Leu | Ala | Ala | Tyr | Arg | 245 | 250 | 255 |
| Arg | Cys | Ala | Glu | Ala | Leu | Gly | Ala | Lys | Val | Lys | Ala | Tyr | Val | His | Pro | 260 | 265 | 270 |
| Thr | Thr | Gly | Val | Val | Thr | Leu | Ala | Thr | Leu | Ala | Pro | Arg | Pro | Gly | Ala | 275 | 280 | 285 |
| Gln | Asp | Pro | Val | Lys | Arg | Leu | Val | Val | Glu | Ala | Gly | Met | Val | Ala | Lys | 290 | 295 | 300 |
| Ala | Glu | Glu | Lys | Arg | Val | Pro | Glu | Glu | Val | Phe | Arg | Tyr | Arg | Arg | Glu | 305 | 310 | 315 |
| Ala | Leu | Ala | Leu | Phe | Leu | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Thr | Asp | Gly | Ser | Val | 325 | 330 | 335 |

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

# ES 2 579 054 T3

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 580                                                             | 585 | 590 |
| Arg Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu |     |     |
| 595                                                             | 600 | 605 |
| Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser |     |     |
| 610                                                             | 615 | 620 |
| Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr |     |     |
| 625                                                             | 630 | 635 |
| Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val |     |     |
| 645                                                             | 650 | 655 |
| Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly |     |     |
| 660                                                             | 665 | 670 |
| Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn |     |     |
| 675                                                             | 680 | 685 |
| Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp |     |     |
| 690                                                             | 695 | 700 |
| Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr |     |     |
| 705                                                             | 710 | 715 |
| Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser |     |     |
| 725                                                             | 730 | 735 |
| His Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val |     |     |
| 740                                                             | 745 | 750 |
| Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln                                 |     |     |
| 755                                                             | 760 |     |

<210> 13  
 <211> 2280  
 <212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética, T134-100

10 <400> 13

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacggtta ctattacgaa  | 60  |
| ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaaggctcg cttttcctgc | 120 |
| cagtggtcga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg  | 180 |
| cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc  | 240 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| tacttgtgta tctatggctg gtctaccaac ccattggctg agttctacat cgttgagtcc  | 300  |
| tgggggaact ggagaccgcc tggcgccctg ctggccgagg gctcgctcgt cttggacgcg  | 360  |
| gctaccgggc agaggggtccc tatcgaaaag gtgcgtccgg ggatggaagt tttctccttg | 420  |
| ggacctgatt acagactgta tcgggtgccc gttttggagg tccttgagag cgggggttagg | 480  |
| gaagttgtgc gcctcagaac tcggtcaggg agaacgctgg tgttgacacc agatcaccgc  | 540  |
| cttttgacct ccgaagggtg gaaacctctt tgtgacctcc cgcttggaac tccaattgca  | 600  |
| gtccccgcag aactgcctgt ggcgggccac ttggccccac ctgaagaacg tgttacgctc  | 660  |
| ctggctcttc tgttggggga tgggaacaca aagctgtcgg gtcggagagg tacacgtcct  | 720  |
| aatgccttct tctacagcaa agaccccgaa ttgctcgcgg cttatcgccg gtgtgcagaa  | 780  |
| gccttgggtg caaaggtgaa agcatagctc caccgcacta cgggggtggg tacactcgca  | 840  |
| accctcgctc cagtccttg agctcaagat cctgtcaaac gcctcgttgt cgaggcggga   | 900  |
| atggttgcta aagccgaaga gaagagggtc ccggaggagg tgtttcgtta ccggcgtgag  | 960  |
| gcgttggccc ttttcttggg ccgtttgttc tcgacagacg gctctgttga aaagaagagg  | 1020 |
| atctcttatt caagtgccag tttgggactg gccaggatg tcgcacatct cttgctgcgc   | 1080 |
| cttgaatta catctcaact ccgttcgaga gggccacggg ctcacgaggt tcttatatcg   | 1140 |
| ggccgcgagg atattttgcg gtttgctgaa cttatcggac cctacctctt gggggccaag  | 1200 |
| agggagagac ttgcagcgct ggaagctgag gccgcaggc gtttgccctg acagggatgg   | 1260 |
| cacttgcggc ttgttcttcc tgccgtggcg tacagagtga gcgaggctaa aaggcgctcg  | 1320 |
| ggattttcgt ggagtgaagc cggtcggcgc gtgcagttg cgggatcgtg tttgtcatct   | 1380 |
| ggactcaacc tcaaattgcc cagacgctac ctttctcggc accggttgtc gctgctcgtt  | 1440 |
| gaggcttttg ccgaccctgg gctggaagcg ctgcgggaag gccaaagtgt ctgggacct   | 1500 |
| attgttgctg tcgaaccggc cggtaaggcg agaacttcg acttgccgtt tccaccttt    | 1560 |
| gcaaacttcg tgagcgagga cctggtgggt cataacaccg tccccctggg ccaagtgaca  | 1620 |
| atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttccattgtg  | 1680 |
| gggacagcca cgttcgatca gtactggagc gtgcgcacct ctaagcggac ttcaggaaca  | 1740 |
| gtgaccgtga ccgatcactt ccgcgcctgg gcgaaccggg gcctgaacct cggcacaata  | 1800 |
| gaccaaatta cattgtgcgt ggaggggttac caaagctctg gatcagccaa catcaccag  | 1860 |
| aacaccttct ctcagggtc ttcttcgggc agttcgggtg gtcctccgg ctcacacaag    | 1920 |
| actactcgca tcgagtgtga gaacatgtcc ttgtccggac cctacgttag caggatcacc  | 1980 |
| aatcccttta atggtattgc gctgtacgcc aacggagaca cagcccggcg taccgttaac  | 2040 |
| ttccccgcaa gtgcgaacta caatttcgcg ctgcgggggt gcggcaacaa caataatctt  | 2100 |

gcccgtgtgg acctgaggat cgacggacgg accgtcggga ccttttatta ccagggcaca 2160  
 taccctctggg agggcccaat tgacaatgtt tatgtcagtg cggggagtcacacacgcgaa 2220  
 atcactgtta ctgcggataa cggcacatgg gacgtgtatg ccgactacct ggtgatacag 2280

<210> 14

<211> 760

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-100

10 <400> 14

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

Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala  
 195 200 205  
 Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu  
 210 215 220  
 Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro  
 225 230 235 240  
 Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys Asp Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg  
 245 250 255  
 Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro  
 260 265 270  
 Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala  
 275 280 285  
 Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys  
 290 295 300  
 Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu  
 305 310 315 320  
 Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val  
 325 330 335  
 Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln  
 340 345 350  
 Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg  
 355 360 365  
 Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp  
 370 375 380  
 Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys  
 385 390 395 400  
 Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro  
 405 410 415  
 Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg  
 420 425 430  
 Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly

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

Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp  
690 695 700

Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr  
705 710 715 720

Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser  
725 730 735

His Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val  
740 745 750

Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755 760

<210> 15

<211> 2280

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-30-m79-110

10 <400> 15

```

caaacaagca ttactctgac atccaacgca tcoggtacgt ttgacgggta caattaogaa      60
ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaaggctg cttttcctgc      120
cagtggtcga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg      180
cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc      240
tacttgtgta tctatggctg gtctaccaac ccattgggtg agttctacat cgttgagttc      300
tggggggaact ggagaccggc tgggtgccacg tccctggggc aagtgacaat cgatggcggg      360
aactacgaca tctataggac gacacgcgtc aaccagcctt gcctggcoga gggctcgttc      420
gtcttggaag cggctaccgg gcagaggggtc cctatcgaaa aggtgcgtcc ggggatggaa      480
gttttctcct tgggacctga ttacagactg tatcaggtgc ccgttttgga ggtccttgag      540
agcgggggtt gggaggttgt gcgcctcaga actcgggtcag ggagaacgct ggtgttgaca      600
ccagatcacc cgcttttgac cccgaagggt tggaaaacctc tttgtgacct ccgcttgga      660
actccaattg cagtccccgc agaactgcct gtggcggggc acttggtccc acctgaagaa      720
cgtgttaacg ccctggctct totgttgggg gatgggaaca caaagctgtc gggctggaga      780
ggtaacgctc ctaatgcctt cttctactgc aaagaccccg aattgctcgc ggcttatcgc      840
cgggtgtgag aagccttggg tgcaaagggtg aaagcatacg tccaccgcac tacgggggtg      900
gttacactcg caaccctcgc tccacgtcct ggagctcaag atcctgtcaa acgcctcgtt      960
gtcgaggcgg gaatggttgc taaagccgaa gagaagaggg tcccgaggga ggtgttccgt     1020

```

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| taccggcgtg aggcgttggc ccttttcttg ggcggttgt tctcgacaga cggctctgtt   | 1080 |
| gaaaagaaga ggatctctta ttcaagtgc agtttgggac tggcccagga tgtcgacacat  | 1140 |
| ctcttgctgc gccttggaaat tacatctcaa ctccgttcga gagggccacg ggctcacgag | 1200 |
| gttcttatat cgggccgcga ggatattttg cggtttgctg aacttatcgg accctacctc  | 1260 |
| ttgggggcca agaggagag acttgacagc ctggaagctg agggccgcag gcgtttgcct   | 1320 |
| ggacagggat ggcacttgcg gcttggttctt cctgccgtgg cgtacagagt gagcgaggct | 1380 |
| aaaaggcgt cgggattttc gtggagtga ggcggtcggc gcgtcgaggt tgcgggatcg    | 1440 |
| tgtttgtcat ctggactcaa cctcaaattg cccagacgct acctttctcg gcaccggttg  | 1500 |
| tcgatgctcg gtgaggcttt tgccgacctt gggctggaag cgtcgcgga aggccaaagt   | 1560 |
| ctctgggacc ctattgttgc tgtcgaaccg gccggtaagg cgagaacatt cgacttgccg  | 1620 |
| gttccacctt ttgcaaaactt cgcgagcag gacctggtgg tgcataactc cattgtgggg  | 1680 |
| acagccacgt tcgatcagta ctggagcgtg cgcacctcta agcggacttc aggaacagtg  | 1740 |
| accgtgaccg atcacttccg cgcctgggcg aaccggggcc tgaacctcgg cacaatagac  | 1800 |
| caaattacat tgtgcgtgga gggttaccaa agctctggat cagccaacat caccagaac   | 1860 |
| accttctctc agggctcttc ttccggcagt tcgggtggct catccggctc cacaacgact  | 1920 |
| actcgcatcg agtgtgagaa catgtccttg tcgggacctt acgttagcag gatcaccaat  | 1980 |
| ccctttaatg gtattgcgt gtacgccaac ggagacacag cccgcgctac cgttaacttc   | 2040 |
| cccgaagtc gcaactacaa ttccgcctg cggggttgcg gcaacaacaa taatcttgcc    | 2100 |
| cgtgtggacc tgaggatcga cggacggacc gtcgggacct tttattacca gggcacatac  | 2160 |
| ccctgggagg cccaattga caatgtttat gtcagtgcgg ggagtcatac agtcgaaatc   | 2220 |
| actgttactg cggataacgg cacatgggac gtgtatgccg actacctggt gatacagtga  | 2280 |

<210> 16  
 <211> 759  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia Artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética, S158-30-m79-110

<400> 16

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly  
 1 5 10 15

Tyr Asn Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val  
 20 25 30

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala  
 35 40 45

ES 2 579 054 T3

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

|                     |                     |                     |                 |     |
|---------------------|---------------------|---------------------|-----------------|-----|
| 290                 |                     | 295                 |                 | 300 |
| Thr Leu Ala Pro Arg | Pro Gly Ala Gln Asp | Pro Val Lys Arg     | Leu Val         |     |
| 305                 | 310                 | 315                 | 320             |     |
| Val Glu Ala Gly     | Met Val Ala Lys Ala | Glu Glu Lys Arg     | Val Pro Glu     |     |
|                     | 325                 | 330                 | 335             |     |
| Glu Val Phe Arg     | Tyr Arg Arg Glu     | Ala Leu Ala Leu Phe | Leu Gly Arg     |     |
|                     | 340                 | 345                 | 350             |     |
| Leu Phe Ser Thr     | Asp Gly Ser Val     | Glu Lys Lys Arg     | Ile Ser Tyr Ser |     |
|                     | 355                 | 360                 | 365             |     |
| Ser Ala Ser Leu     | Gly Leu Ala Gln Asp | Val Ala His Leu     | Leu Leu Arg     |     |
|                     | 370                 | 375                 | 380             |     |
| Leu Gly Ile Thr     | Ser Gln Leu Arg Ser | Arg Gly Pro Arg     | Ala His Glu     |     |
|                     | 385                 | 390                 | 395             | 400 |
| Val Leu Ile Ser     | Gly Arg Glu Asp     | Ile Leu Arg Phe     | Ala Glu Leu Ile |     |
|                     | 405                 | 410                 | 415             |     |
| Gly Pro Tyr Leu     | Leu Gly Ala Lys Arg | Glu Arg Leu Ala     | Ala Leu Glu     |     |
|                     | 420                 | 425                 | 430             |     |
| Ala Glu Ala Arg     | Arg Arg Leu Pro     | Gly Gln Gly Trp     | His Leu Arg Leu |     |
|                     | 435                 | 440                 | 445             |     |
| Val Leu Pro Ala     | Val Ala Tyr Arg     | Val Ser Glu Ala     | Lys Arg Arg Ser |     |
|                     | 450                 | 455                 | 460             |     |
| Gly Phe Ser Trp     | Ser Glu Ala Gly     | Arg Arg Val Ala     | Val Ala Gly Ser |     |
|                     | 465                 | 470                 | 475             | 480 |
| Cys Leu Ser Ser     | Gly Leu Asn Leu     | Lys Leu Pro Arg     | Arg Tyr Leu Ser |     |
|                     | 485                 | 490                 | 495             |     |
| Arg His Arg Leu     | Ser Met Leu Gly     | Glu Ala Phe Ala     | Asp Pro Gly Leu |     |
|                     | 500                 | 505                 | 510             |     |
| Glu Ala Leu Ala     | Glu Gly Gln Val     | Leu Trp Asp Pro     | Ile Val Ala Val |     |
|                     | 515                 | 520                 | 525             |     |
| Glu Pro Ala Gly     | Lys Ala Arg Thr     | Phe Asp Leu Arg     | Val Pro Pro Phe |     |
|                     | 530                 | 535                 | 540             |     |

Ala Asn Phe Ala Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Ser Ile Val Gly  
545 550 555 560

Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr  
565 570 575

Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg  
580 585 590

Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly  
595 600 605

Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln  
610 615 620

Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr  
625 630 635 640

Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser  
645 650 655

Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp  
660 665 670

Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe  
675 680 685

Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu  
690 695 700

Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr  
705 710 715 720

Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His  
725 730 735

Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr  
740 745 750

Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755

<210> 17

<211> 759

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Proteína modificada

&lt;400&gt; 17

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

Arg Val Thr Pro Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu  
 245 250 255

Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro Asn Ala Phe Phe Tyr Cys Lys Asp  
 260 265 270

Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala  
 275 280 285

Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala  
 290 295 300

Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val  
 305 310 315 320

Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu  
 325 330 335

Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg  
 340 345 350

Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser  
 355 360 365

Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg  
 370 375 380

Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu  
 385 390 395 400

Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile  
 405 410 415

Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu  
 420 425 430

Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu  
 435 440 445

Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser  
 450 455 460

Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser  
 465 470 475 480

Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser  
 485 490 495

Arg His Arg Leu Ser Met Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu  
 500 505 510

Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val  
 515 520 525

Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe  
 530 535 540

Ala Asn Phe Ala Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Ser Ile Val Gly  
 545 550 555 560

Thr Ala Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr  
 565 570 575

Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg  
 580 585 590

Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly  
 595 600 605

Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln  
 610 615 620

Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr  
 625 630 635 640

Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser  
 645 650 655

Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp  
 660 665 670

Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe  
 675 680 685

Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu  
 690 695 700

Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr  
 705 710 715 720

Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His  
 725 730 735

Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr  
 740 745 750

Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755

<210> 18  
<211> 2280  
<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, Secuencia codificante de proteína modificada.

10 <400> 18

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caaacaagca ttactctgac atccaacgca tccggtacgt ttgacgggta caattacgaa  | 60   |
| ctctggaagg atactggcaa tacaacaatg acggtctaca ctcaaggctg cttttcctgc  | 120  |
| cagtggtcga acatcaataa cgcgttggtt aggaccggga agaaatacaa ccagaattgg  | 180  |
| cagtctcttg gcacaatccg gatcacgtac tctgcgactt acaacccaaa cgggaactcc  | 240  |
| tacttggtgta tctatggctg gtctaccaac ccattggctg agttctacat cgttgagtcc | 300  |
| tgggggaact ggagaccgcc tgggtgccacg tccctgggcc aagtgacaat cgatggcggg | 360  |
| acctacgaca tctataggac gacacgcgtc aaccagcctt gcctggccga gggctcgctc  | 420  |
| gtcttgagcg cggctaccgg gcagagggtc cctatcgaaa aggtgcgtcc ggggatggaa  | 480  |
| gttttctcct tgggacctga ttacagactg tatcaggtgc ccgttttgga ggtccttgag  | 540  |
| agcgggggtg gggaaagtgt gcgcctcaga actcggtcag ggagaacgct ggtgttgaca  | 600  |
| ccagatcacc cgcttttgac cccgaaggt tggaaacctc tttgtgacct cccgcttgga   | 660  |
| actccaattg cagtccccgc agaactgcct gtggcgggcc acttggtccc acctgaagaa  | 720  |
| cgtgttacgc ccctggctct tctgttgggg gatgggaaca caaagctgtc gggctcgaga  | 780  |
| ggtagacgtc ctaatgcctt cttctactgc aaagaccccg aattgctcgc ggcttatcgc  | 840  |
| cgggtgtgag aagccttggg tgcaaaggtg aaagcatagc tccacccgac tacgggggtg  | 900  |
| gttacactcg caaccctcgc tccacgtcct ggagctcaag atcctgtcaa acgcctcgtt  | 960  |
| gtcgaggcgg gaatggttgc taaagccgaa gagaagaggg tcccggagga ggtgttccgt  | 1020 |
| taccggcgtg aggcgttggc ctttttcttg ggccgtttgt tctcgacaga cggctctgtt  | 1080 |
| gaaaagaaga ggatctctta ttcaagtgcc agtttgggac tggcccagga tgtcgcacat  | 1140 |
| ctcttgctgc gccttggaat tacatctcaa ctccgttcga gagggccacg ggctcacgag  | 1200 |
| gttcttatat cgggccgcga ggatattttg cggtttgctg aacttatcgg accctacctc  | 1260 |
| ttggggggcca agagggagag acttgacgag ctggaagctg agggccgcag gcgtttgcct | 1320 |
| ggacagggat ggcaacttgcg gcttggtctt cctgccgtgg cgtacagagt gagcgaggct | 1380 |
| aaaaggcgct cgggattttc gtggagttaa gccggtcggc gcgtcgcagt tgcgggatcg  | 1440 |

tgtttgtcat ctggactcaa cctcaaattg cccagacgct acctttctcg gcaccggttg 1500  
 tcgatgctcg gtgaggcttt tgccgaccct gggctggaag cgctcgcgga aggccaaagtg 1560  
 ctctgggacc ctattgttgc tgtcgaaccg gccggttaagg cgagaacatt cgacttgccg 1620  
 gttccaccct ttgcaaactt cgcgagcgag gacctggtgg tgcataactc cattgtgggg 1680  
 acagccacgt tcgatcagta ctggagcggtg cgcacctcta agcggacttc aggaacagtg 1740  
 accgtgaccg atcacttcgg cgccctggggc aaccggggcc tgaacctcgg cacaatagac 1800  
 caaattacat tgtgcgtgga gggttaccaa agctctggat cagccaacat caccagaac 1860  
 accttctctc agggctcttc ttccggcagt tcgggtggct catccggctc cacaacgact 1920  
 actcgcatcg agtgtgagaa catgtccttg tccggaccct acgttagcag gatcaccaat 1980  
 ccccttaatg gtattgcgt gtacgccaac ggagacacag cccgcgctac cgttaacttc 2040  
 cccgcaagtc gcaactacaa ttccgcctg cggggttgcg gcaacaacaa taatcttgcc 2100  
 cgtgtggacc tgaggatcga cggacggacc gtcgggacct tttattacca gggcacatac 2160  
 ccctgggagg cccaattga caatgtttat gtcagtgcgg ggagtcatac agtcgaaatc 2220  
 actgttactg cggataacgg cacatgggac gtgtatgccg actacctggt gatacagtga 2280

<210> 19

<211> 325

<212> PRT

5 <213> *Dictyoglomus thermophilum*

<400> 19

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

Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly Thr Tyr Ser Ile Val Gly Thr Ala  
115 120 125

Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr Ser Gly  
130 135 140

Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg Gly Leu  
145 150 155 160

Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly Tyr Gln  
165 170 175

Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln Gly Ser  
180 185 190

Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr Thr Arg  
195 200 205

Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser Arg Ile  
210 215 220

Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp Thr Ala  
225 230 235 240

Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe Arg Leu  
245 250 255

Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu Arg Ile  
260 265 270

Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr Pro Trp  
275 280 285

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

Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr Ala Asp  
305 310 315 320

Tyr Leu Val Ile Gln  
325

<210> 20

<211> 1014

<212> ADN

5 <213> *Dictyoglomus thermophilum*

<400> 20

```

atgcaaacaa gcattactct gacatccaac gcatccggta cgtttgacgg ttactattac      60
gaactctgga aggatactgg caatacaaca atgacgggtct acactcaagg tcgcttttcc      120
tgccagtggt cgaacatcaa taacgcgttg tttaggaccg ggaagaaata caaccagaat      180
tggcagtcctc ttggcacaat ccggatcacg tactctgcga cttacaaccc aaacgggaac      240
tcctacttgt gtatctatgg ctgggtctacc aaccatttgg tcgagttcta catcgttgag      300
tcctggggga actggagacc gcctgggtgcc acgtccctgg gccaaagtgc aatcgatggc      360
gggacctacg acatctatag gacgacacgc gtcaaccagc cttccattgt ggggacagcc      420
acgttcgata agtactggag cgtgcgcacc tctaagcgga cttcaggaac agtgaccgtg      480
accgatcact tccgcgcctg ggcgaaccgg ggcctgaacc tcggcacaat agaccaaatt      540
acattgtgcg tggaggggta ccaaagctct ggatcagcca acatcaccca gaacaccttc      600
tctcagggct cttcttccgg cagttcgggt ggctcatccg gctccacaac gactactcgc      660
atcgagtgtg agaacatgtc cttgtccgga ccctacgtta gcaggatcac caatcccttt      720
aatggtattg cgctgtacgc caacggagac acagcccgcg ctaccgttaa cttccccgca      780
agtcgcaact acaatttccg cctgcggggg tgcggcaaca acaataatct tgcccgtgtg      840
gacctgagga tcgacggacg gaccgtcggg accttttatt accagggcac atacccttg      900
gaggcccca ttgacaatgt ttatgtcagt gcggggagtc atacagtoga aatcactgtt      960
actgcggata acggcacatg ggacgtgtat gccgactacc tggtgataca gtga      1014

```

<210> 21

<211> 759

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, T134-195

10 <400>21

```

Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp Gly
1           5           10           15

Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val
20           25           30

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala
35           40           45

Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu Gly
50           55           60

Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn Ser
65           70           75           80

```

Tyr Leu Cys Ile Tyr Gly Trp Ser Thr Asn Pro Leu Val Glu Phe Tyr  
 85 90 95

Ile Val Glu Ser Trp Gly Asn Trp Arg Pro Pro Gly Ala Cys Leu Ala  
 100 105 110

Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile  
 115 120 125

Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp Tyr  
 130 135 140

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

Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr  
 165 170 175

Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp  
 180 185 190

Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala  
 195 200 205

Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu  
 210 215 220

Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro  
 225 230 235 240

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

Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro  
 260 265 270

Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala  
 275 280 285

Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys  
 290 295 300

Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu  
 305 310 315 320

Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val

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

Ser Gly Thr Val Thr Val Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg  
580 585 590

Gly Leu Asn Leu Gly Thr Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly  
595 600 605

Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln  
610 615 620

Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr  
625 630 635 640

Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser  
645 650 655

Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp  
660 665 670

Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe  
675 680 685

Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu  
690 695 700

Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr  
705 710 715 720

Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His  
725 730 735

Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr  
740 745 750

Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755

<210> 22

<211> 423

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth-S158-39 Secuencia de inteína

10 <400> 22

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

Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly

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

# ES 2 579 054 T3

Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu  
275 280 285

Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg  
290 295 300

Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val  
305 310 315 320

Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser  
325 330 335

Glu Ala Gly Gln Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly  
340 345 350

Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser  
355 360 365

Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu  
370 375 380

Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys  
385 390 395 400

Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser  
405 410 415

Glu Asp Leu Val Val His Asn  
420

<210> 23

<211> 423

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth-T134-195 Secuencia de intefina

10

<400> 23

# ES 2 579 054 T3

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

Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly  
20 25 30

Pro Asp Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu Glu Val Leu Glu Ser  
35 40 45

Gly Val Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg Ser Gly Arg Thr Leu

ES 2 579 054 T3

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

Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val  
305 310 315 320

Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser  
325 330 335

Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly  
340 345 350

Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser  
355 360 365

Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu  
370 375 380

Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys  
385 390 395 400

Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser  
405 410 415

Glu Asp Leu Val Val His Asn  
420

<210> 24

<211> 423

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth-S158-21 Secuencia de inteína

10

<400> 24

# ES 2 579 054 T3

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

Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly  
20 25 30

Pro Asp Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu Glu Val Leu Glu Ser  
35 40 45

Gly Val Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg Ser Gly Arg Thr Leu  
50 55 60

Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro Glu Gly Trp Lys Pro  
65 70 75 80

Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala Val Pro Ala Glu Leu

| 85  |     |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |     |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Pro | Val | Ala | Gly | His | Leu | Ala | Pro | Pro | Glu | Glu | Arg | Val | Thr | Leu | Leu |  |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |  |
| Ala | Leu | Leu | Leu | Gly | Asp | Gly | Asn | Thr | Lys | Leu | Ser | Gly | Arg | Arg | Gly |  |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |  |
| Thr | Arg | Pro | Asn | Ala | Phe | Phe | Tyr | Ser | Lys | Asp | Pro | Glu | Leu | Leu | Ala |  |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |  |
| Ala | Tyr | Arg | Arg | Cys | Gly | Glu | Ala | Leu | Gly | Ala | Lys | Val | Lys | Ala | Tyr |  |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |  |
| Val | His | Pro | Thr | Thr | Gly | Val | Val | Thr | Leu | Ala | Thr | Leu | Ala | Pro | Arg |  |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |  |
| Pro | Gly | Ala | Gln | Asp | Pro | Val | Lys | Arg | Leu | Val | Val | Glu | Ala | Gly | Met |  |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |  |
| Val | Ala | Lys | Ala | Glu | Glu | Lys | Arg | Val | Pro | Glu | Glu | Val | Phe | Arg | Tyr |  |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |  |
| Arg | Arg | Glu | Ala | Leu | Ala | Leu | Phe | Leu | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Thr | Asp |  |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |
| Gly | Ser | Val | Glu | Lys | Lys | Arg | Ile | Ser | Tyr | Ser | Ser | Ala | Ser | Leu | Gly |  |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |  |
| Leu | Ala | Gln | Asp | Val | Ala | His | Leu | Leu | Leu | Arg | Leu | Gly | Ile | Thr | Ser |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |  |
| Gln | Leu | Arg | Ser | Arg | Gly | Pro | Arg | Ala | His | Glu | Val | Leu | Ile | Ser | Gly |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |  |
| Arg | Glu | Asp | Ile | Leu | Arg | Phe | Ala | Glu | Leu | Ile | Gly | Pro | Tyr | Leu | Leu |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |  |
| Gly | Ala | Lys | Arg | Glu | Arg | Leu | Ala | Ala | Leu | Glu | Ala | Glu | Ala | Arg | Arg |  |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |  |
| Arg | Leu | Pro | Gly | Gln | Gly | Trp | His | Leu | Arg | Leu | Val | Leu | Pro | Ala | Val |  |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |  |
| Ala | Tyr | Arg | Val | Ser | Glu | Ala | Lys | Arg | Arg | Ser | Gly | Phe | Ser | Trp | Ser |  |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |  |

Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly  
340 345 350

Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Gln His Arg Leu Ser  
355 360 365

Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu  
370 375 380

Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys  
385 390 395 400

Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser  
405 410 415

Glu Asp Leu Val Val His Asn  
420

<210> 25

<211> 423

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth T134-180 Secuencia de inteína

10

<400> 25

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

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|--|
| 115 | 120 | 125 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |
| Thr | Arg | Pro | Asn | Ala | Phe | Phe | Tyr | Ser | Lys | Asp | Pro | Glu | Leu | Leu | Ala |  |  |  |  |
| 130 |     |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |  |  |  |  |
| Ala | Tyr | Arg | Arg | Cys | Ala | Glu | Ala | Leu | Gly | Ala | Lys | Val | Lys | Ala | Tyr |  |  |  |  |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |  |  |  |  |
| Val | His | Pro | Thr | Thr | Gly | Val | Val | Thr | Leu | Ala | Thr | Leu | Ala | Pro | Arg |  |  |  |  |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |  |  |  |  |
| Pro | Gly | Ala | Gln | Asp | Pro | Val | Lys | Arg | Leu | Val | Val | Glu | Ala | Gly | Met |  |  |  |  |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |  |  |  |  |
| Val | Ala | Lys | Ala | Glu | Glu | Lys | Arg | Val | Pro | Glu | Glu | Val | Phe | Arg | Tyr |  |  |  |  |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |  |  |  |  |
| Arg | Arg | Glu | Ala | Leu | Ala | Leu | Phe | Leu | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Thr | Asp |  |  |  |  |
| 210 |     |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |  |  |  |
| Gly | Ser | Val | Glu | Lys | Lys | Arg | Ile | Ser | Tyr | Ser | Ser | Ala | Ser | Leu | Gly |  |  |  |  |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |  |  |  |  |
| Leu | Ala | Gln | Asp | Val | Ala | His | Leu | Leu | Leu | Arg | Leu | Gly | Ile | Thr | Ser |  |  |  |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |  |  |  |  |
| Gln | Leu | Arg | Ser | Arg | Gly | Pro | Arg | Ala | His | Glu | Val | Leu | Ile | Ser | Gly |  |  |  |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |  |  |  |  |
| Arg | Glu | Asp | Ile | Leu | Arg | Phe | Ala | Glu | Leu | Ile | Gly | Pro | Tyr | Leu | Leu |  |  |  |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |  |  |  |  |
| Gly | Ala | Lys | Arg | Glu | Arg | Leu | Ala | Ala | Leu | Glu | Ala | Glu | Ala | Arg | Arg |  |  |  |  |
| 290 |     |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |  |  |  |  |
| Arg | Leu | Pro | Gly | Gln | Gly | Trp | His | Leu | Arg | Leu | Val | Leu | Pro | Ala | Val |  |  |  |  |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |  |  |  |  |
| Ala | Tyr | Arg | Val | Ser | Glu | Ala | Lys | Arg | Arg | Ser | Gly | Phe | Ser | Trp | Ser |  |  |  |  |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |  |  |  |  |
| Glu | Ala | Gly | Arg | Arg | Val | Ala | Val | Ala | Gly | Ser | Cys | Leu | Ser | Ser | Gly |  |  |  |  |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |  |  |  |  |
| Leu | Asn | Leu | Lys | Leu | Pro | Arg | Arg | Tyr | Leu | Ser | Arg | His | Arg | Leu | Ser |  |  |  |  |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |  |  |  |  |

Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu  
370 375 380

Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys  
385 390 395 400

Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser  
405 410 415

Glu Asp Leu Val Val His Asn  
420

<210> 26

<211> 423

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

10 <223> Construcción sintética, Tth T134-100-65

<400> 26

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

|                                                                 |  |     |  |     |  |     |
|-----------------------------------------------------------------|--|-----|--|-----|--|-----|
| 145                                                             |  | 150 |  | 155 |  | 160 |
| Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 165 |  | 170 |  | 175 |
| Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 180 |  | 185 |  | 190 |
| Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 195 |  | 200 |  | 205 |
| Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg Leu Phe Ser Thr Asp |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 210 |  | 215 |  | 220 |
| Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly |  |     |  |     |  |     |
| 225                                                             |  | 230 |  | 235 |  | 240 |
| Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 245 |  | 250 |  | 255 |
| Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 260 |  | 265 |  | 270 |
| Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 275 |  | 280 |  | 285 |
| Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 290 |  | 295 |  | 300 |
| Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val |  |     |  |     |  |     |
| 305                                                             |  | 310 |  | 315 |  | 320 |
| Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 325 |  | 330 |  | 335 |
| Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 340 |  | 345 |  | 350 |
| Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 355 |  | 360 |  | 365 |
| Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu |  |     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 370 |  | 375 |  | 380 |
| Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys |  |     |  |     |  |     |
| 385                                                             |  | 390 |  | 395 |  | 400 |

Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser  
 405 410 415

Glu Asp Leu Val Val His Asn  
 420

<210> 27

<211> 423

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth T134-100-68

10

<400> 27

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

| 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Val | Ala | Lys | Ala | Glu | Glu | Lys | Arg | Val | Pro | Glu | Glu | Val | Phe | Arg | Tyr |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |
| Arg | Arg | Glu | Ala | Leu | Ala | Leu | Phe | Leu | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Thr | Asp |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
| Gly | Ser | Val | Glu | Lys | Lys | Arg | Ile | Ser | Tyr | Ser | Ser | Ala | Ser | Leu | Gly |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |
| Leu | Ala | Gln | Asp | Val | Ala | His | Leu | Leu | Leu | Arg | Leu | Gly | Ile | Thr | Ser |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
| Gln | Leu | Arg | Ser | Arg | Gly | Pro | Arg | Ala | His | Glu | Val | Leu | Ile | Ser | Gly |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |
| Arg | Glu | Asp | Ile | Leu | Arg | Phe | Ala | Glu | Leu | Ile | Gly | Pro | Tyr | Leu | Leu |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| Gly | Ala | Lys | Arg | Glu | Arg | Leu | Ala | Ala | Leu | Glu | Ala | Glu | Ala | Arg | Arg |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
| Arg | Leu | Pro | Val | Gln | Gly | Trp | His | Ser | Arg | Leu | Val | Leu | Pro | Ala | Val |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |
| Ala | Tyr | Arg | Val | Ser | Glu | Ala | Lys | Arg | Arg | Ser | Gly | Phe | Ser | Trp | Ser |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
| Glu | Ala | Gly | Arg | Arg | Val | Ala | Val | Ala | Gly | Ser | Cys | Leu | Ser | Ser | Gly |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |
| Leu | Asn | Leu | Lys | Leu | Pro | Arg | Arg | Tyr | Leu | Ser | Arg | His | Arg | Leu | Ser |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |
| Leu | Leu | Gly | Glu | Ala | Phe | Ala | Asp | Pro | Gly | Leu | Glu | Ala | Leu | Ala | Glu |
|     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |
| Gly | Gln | Val | Leu | Trp | Asp | Pro | Ile | Val | Ala | Val | Glu | Pro | Ala | Gly | Lys |
| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |
| Ala | Arg | Thr | Phe | Asp | Leu | Arg | Val | Pro | Pro | Phe | Ala | Asn | Phe | Val | Ser |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
| Glu | Asp | Leu | Val | Val | His | Asn |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

<210> 28  
<211> 423  
<212> PRT  
<213> Secuencia Artificial

5

<220>  
<223> Construcción sintética, Tth T134-100-39  
<400> 28

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

|                                                                 |  |     |  |     |
|-----------------------------------------------------------------|--|-----|--|-----|
| 210                                                             |  | 215 |  | 220 |
| Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly |  |     |  |     |
| 225                                                             |  | 230 |  | 235 |
|                                                                 |  |     |  | 240 |
| Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 245 |  | 250 |
|                                                                 |  |     |  | 255 |
| Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 260 |  | 265 |
|                                                                 |  |     |  | 270 |
| Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 275 |  | 280 |
|                                                                 |  |     |  | 285 |
| Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 290 |  | 295 |
|                                                                 |  |     |  | 300 |
| Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 305 |  | 310 |
|                                                                 |  |     |  | 315 |
|                                                                 |  |     |  | 320 |
| Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 325 |  | 330 |
|                                                                 |  |     |  | 335 |
| Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 340 |  | 345 |
|                                                                 |  |     |  | 350 |
| Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 355 |  | 360 |
|                                                                 |  |     |  | 365 |
| Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 370 |  | 375 |
|                                                                 |  |     |  | 380 |
| Gly Leu Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 385 |  | 390 |
|                                                                 |  |     |  | 395 |
|                                                                 |  |     |  | 400 |
| Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 405 |  | 410 |
|                                                                 |  |     |  | 415 |
| Glu Asp Leu Val Val His Asn                                     |  |     |  |     |
|                                                                 |  | 420 |  |     |

<210> 29

<211> 423

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth T134-100

<400> 29

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

|                                                                 |     |  |     |  |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|--|-----|--|-----|
|                                                                 | 245 |  | 250 |  | 255 |
| Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu Val Leu Ile Ser Gly | 260 |  | 265 |  | 270 |
| Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile Gly Pro Tyr Leu Leu | 275 |  | 280 |  | 285 |
| Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg | 290 |  | 295 |  | 300 |
| Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val | 305 |  | 310 |  | 315 |
| Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser | 325 |  | 330 |  | 335 |
| Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly | 340 |  | 345 |  | 350 |
| Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser | 355 |  | 360 |  | 365 |
| Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu | 370 |  | 375 |  | 380 |
| Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys | 385 |  | 390 |  | 395 |
| Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser | 405 |  | 410 |  | 415 |
| Glu Asp Leu Val Val His Asn                                     | 420 |  |     |  |     |

<210> 30

<211> 423

5 <212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth S158-30-m79-110

10

<400> 30

|                                                                 |  |   |  |    |    |
|-----------------------------------------------------------------|--|---|--|----|----|
| Cys Leu Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gln Arg |  |   |  |    |    |
| 1                                                               |  | 5 |  | 10 | 15 |

|                                                                 |    |  |    |  |    |
|-----------------------------------------------------------------|----|--|----|--|----|
| Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly |    |  |    |  |    |
|                                                                 | 20 |  | 25 |  | 30 |

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

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 275                                                             | 280 | 285 |
| Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu Ala Glu Ala Arg Arg |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |
| Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu Val Leu Pro Ala Val |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 |
| Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |
| Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser Cys Leu Ser Ser Gly |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |
| Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser Arg His Arg Leu Ser |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |
| Met Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu |     |     |
| 370                                                             | 375 | 380 |
| Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys |     |     |
| 385                                                             | 390 | 395 |
| Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Ala Ser |     |     |
| 405                                                             | 410 | 415 |
| Glu Asp Leu Val Val His Asn                                     |     |     |
| 420                                                             |     |     |

<210>31

<211> 1014

5 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

10 <223> Construcción sintética, XynB (P77853) secuencia optimizada por codones de maíz basada en la secuencia de *Dictyoglomus thermophilum*

<400> 31

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| atgcaaacaa gcattactct gacatccaac gcatccggtg cgtttgacgg ttactattac   | 60   |
| gaactctgga aggatactgg caatacaaca atgacgggtct acactcaagg tcgcttttcc  | 120  |
| tgccagtggt cgaacatcaa taacgcgttg tttaggaccg ggaagaaata caaccagaat   | 180  |
| tggcagtcctc ttggcacaat ccggatcacg tactctgcga cttacaaccc aaacgggaac  | 240  |
| tcctacttgt gtatctatgg ctgggtctacc aaccatttg tcgagttcta catcgttgag   | 300  |
| tcctggggga actggagacc gcctgggtgc acgtccctgg gccaaagtgc aatcgatggc   | 360  |
| gggacctacg acatctatag gacgacacgc gtcaaccagc cttccattgt ggggacagcc   | 420  |
| acgttcgatc agtactggag cgtgcgcacc tctaagcgga cttcagggaac agtgaccgtg  | 480  |
| accgatcact tccgcgcctg ggcgaaccgg ggctgaacc tcggcacaat agaccaaatt    | 540  |
| acattgtgcg tggagggtta ccaaagctct ggatcagcca acatcaccca gaacaccttc   | 600  |
| tctcagggct cttcttcogg cagttcgggt ggctcatcgg gctccacaac gactactcgc   | 660  |
| atcgagtgtg agaacatgtc cttgtccgga ccctacgtta gcaggatcac caatcccttt   | 720  |
| aatgggtattg cgctgtacgc caacggagac acagcccggc ctaccgttaa cttccccgca  | 780  |
| agtcgcaact acaattttccg cctgcgggggt tgcggcaaca acaataatct tgcccgtgtg | 840  |
| gacctgagga tcgacggacg gaccgtcggg accttttatt accagggcac ataccctgg    | 900  |
| gaggccccaa ttgacaatgt ttatgtcagt gcggggagtc atacagtcga aatcactgtt   | 960  |
| actgcggata acggcacatg ggacgtgtat gccgactacc tggtgataca gtga         | 1014 |

<210> 32

<211> 1269

5 <212> ADN

<213> *Thermus thermophilus*

<400> 32

tgccctggccg agggctcgct cgtcttggac gcggtaccg ggcagagggc ccctatcgaa 60  
 aaggtgcgtc cggggatgga agttttctcc ttgggacctg attacagact gtatcgggtg 120  
 cccgttttgg aggtccttga gagcgggggt aggggaagttg tgcgcctcag aactcgggtca 180  
 gggagaacgc tgggtgtgac accagatcac ccgcttttga cccccgaagg ttggaaacct 240  
 ctttgtgacc tcccgtttgg aactccaatt gcagtccccg cagaactgcc tgtggcgggc 300  
 cacttggccc cactgaaga acgtgttacg ctccctggctc ttctgttggg ggatgggaac 360  
 acaaagctgt cgggtcggag aggtacacgt cctaatagct tcttctacag caaagacccc 420  
 gaattgctcg cggcttatcg ccggtgtgca gaagccttgg gtgcaaaggt gaaagcatac 480  
 gtccaccgca ctacgggggt ggttacactc gcaaccctcg ctccacgtcc tggagctcaa 540  
 gatcctgtca aacgcctcgt tgtcgaggcg ggaatggttgc cttaaagccga agagaagagg 600  
 gtcccggagg aggtgtttcg ttaccggcgt gaggcgttgg cccttttctt gggccggttg 660  
 ttctcgacag acggtctcgt tgaaaagaag aggatctctt attcaagtgc cagtttggga 720  
 ctggcccagg atgtcgaca tctcttgctg cgccttggaa ttacatctca actccgttcg 780  
 agagggccac gggctcacga ggttcttata tcgggcccgc aggatatttt gcgggtttgct 840  
 gaacttatcg gaccctacct cttggggggc aagagggaga gacttgcagc gctggaagct 900  
 gagggccgca ggcgtttgac tggacagga tggcacttgc ggcttgttct tccctgcctg 960  
 gcgtacagag tgagcgaggc taaaaggcgc tcgggatttt cgtggagtga agccggtcgg 1020  
 cgcgtcgagc ttgcgggac gtgtttgtca tctggactca acctcaaatt gccagacgc 1080  
 taactttctc ggcaccggtt gtcgtgctc ggtgaggctt ttgccgacct tgggctggaa 1140  
 gcgtcgcgg aaggccaagt gctctgggac cctattgttg ctgtcgaacc ggccggtaag 1200  
 gcgagaacat tcgacttgcg cgttccacct tttgcaaact tcgtgagcga ggacctggtg 1260  
 gtgcataac 1269

<210> 33  
 <211> 75  
 <212> ADN  
 <213> *Hordeum vulgare*

<400> 33

atggcgaaca aacatttgtc cctctccctc ttctcgtcc tccttggcct gtcggccagc 60  
 ttggcctccg ggcaa 75

<210> 34  
 <211> 423  
 <212> PRT  
 <213> *Thermus thermophilus*

<400> 34

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

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ala | Tyr | Arg | Arg | Cys | Ala | Glu | Ala | Leu | Gly | Ala | Lys | Val | Lys | Ala | Tyr | 145 | 150 | 155 | 160 |
| Val | His | Pro | Thr | Thr | Gly | Val | Val | Thr | Leu | Ala | Thr | Leu | Ala | Pro | Arg | 165 | 170 | 175 |     |
| Pro | Gly | Ala | Gln | Asp | Pro | Val | Lys | Arg | Leu | Val | Val | Glu | Ala | Gly | Met | 180 | 185 | 190 |     |
| Val | Ala | Lys | Ala | Glu | Glu | Lys | Arg | Val | Pro | Glu | Glu | Val | Phe | Arg | Tyr | 195 | 200 | 205 |     |
| Arg | Arg | Glu | Ala | Leu | Ala | Leu | Phe | Leu | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Thr | Asp | 210 | 215 | 220 |     |
| Gly | Ser | Val | Glu | Lys | Lys | Arg | Ile | Ser | Tyr | Ser | Ser | Ala | Ser | Leu | Gly | 225 | 230 | 235 | 240 |
| Leu | Ala | Gln | Asp | Val | Ala | His | Leu | Leu | Leu | Arg | Leu | Gly | Ile | Thr | Ser | 245 | 250 | 255 |     |
| Gln | Leu | Arg | Ser | Arg | Gly | Pro | Arg | Ala | His | Glu | Val | Leu | Ile | Ser | Gly | 260 | 265 | 270 |     |
| Arg | Glu | Asp | Ile | Leu | Arg | Phe | Ala | Glu | Leu | Ile | Gly | Pro | Tyr | Leu | Leu | 275 | 280 | 285 |     |
| Gly | Ala | Lys | Arg | Glu | Arg | Leu | Ala | Ala | Leu | Glu | Ala | Glu | Ala | Arg | Arg | 290 | 295 | 300 |     |
| Arg | Leu | Pro | Gly | Gln | Gly | Trp | His | Leu | Arg | Leu | Val | Leu | Pro | Ala | Val | 305 | 310 | 315 | 320 |
| Ala | Tyr | Arg | Val | Ser | Glu | Ala | Lys | Arg | Arg | Ser | Gly | Phe | Ser | Trp | Ser | 325 | 330 | 335 |     |
| Glu | Ala | Gly | Arg | Arg | Val | Ala | Val | Ala | Gly | Ser | Cys | Leu | Ser | Ser | Gly | 340 | 345 | 350 |     |
| Leu | Asn | Leu | Lys | Leu | Pro | Arg | Arg | Tyr | Leu | Ser | Arg | His | Arg | Leu | Ser | 355 | 360 | 365 |     |
| Leu | Leu | Gly | Glu | Ala | Phe | Ala | Asp | Pro | Gly | Leu | Glu | Ala | Leu | Ala | Glu | 370 | 375 | 380 |     |
| Gly | Gln | Val | Leu | Trp | Asp | Pro | Ile | Val | Ala | Val | Glu | Pro | Ala | Gly | Lys | 385 | 390 | 395 | 400 |

Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn Phe Val Ser  
405 410 415

Glu Asp Leu Val Val His Asn  
420

<210> 35  
<211> 2349  
5 <212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
10 <223> Construcción sintética, S158 19

<400> 35

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| atgttcctta agaaactgtc taagttgctg ctcgctcgtgc tccttggtgc cgtttacaca | 60   |
| cagggtcaacg cgcaaacaag cattactctg acatccaacg catccggtac gtttgacggt | 120  |
| tactattacg aactctggaa ggatactggc aatacaacaa tgacggtcta cactcaaggt  | 180  |
| cgtttttcct gccagtgggc gaacatcaat aacgcgttgt ttaggaccgg gaagaaatac  | 240  |
| aaccagaatt ggcagtctct tggcacaatc cggatcacgt actctgcgac ttacaacca   | 300  |
| aacgggaact cctacttggt tatctatggc tgggtctacca acccattggt cgagttctac | 360  |
| atcggtgagt cctgggggaa ctggagaccg cctggtgcc agtccctggg ccaagtgaca   | 420  |
| atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttgcctggcc  | 480  |
| gagggctcgc tcgtcttggg cgcggctacc gggcagaggg tccttatcga aaaggtgcgt  | 540  |
| ccgggggatgg aagttttctc cttgggacct gattacagac tgtatcgggt gcccgtttg  | 600  |
| gaggtccttg agagcggggt tggggaagtt gtgcgcctca gaactcggtc agggagaacg  | 660  |
| ctgggtgttg caccagatca ccgcgttttg acccccgaag gttggaaacc tctttgtgac  | 720  |
| ctcccgcttg gaactccaat tgcagtcccc gcagaactgc ctgtggcggg ccacttggcc  | 780  |
| ccacctgaag aacgtgttac gtccttggt cttctgttgg gggatgggaa cacaagctg    | 840  |
| tcgggtcgga gaggtacacg tcctattgcc ttcttctaca gcaaagacct cgaattgctc  | 900  |
| gcgggttatc gccggtgtgc agaagccttg ggtgcaaagg tgaaagcata cgtccaccgc  | 960  |
| actacggggg tggttacact ogcaacctc gctccacgtc ctggagctca agatcctgtc   | 1020 |
| aaacgcctcg ttgtcgaggc gggaatggtt gctaaagccg aagagaagag ggtcccggag  | 1080 |
| gaggtgtttc gttaccggcg tgaggcgttg gcccttttct tgggcccgtt gttctcgaca  | 1140 |
| gacggctctg ttgaaaagaa gaggatctct tattcaagtg ccagtttggg actggcccag  | 1200 |
| gatgtcgcac atctcttgct ggccttgga attacatctc aactccgttc gagagggcca   | 1260 |
| cgggctcacc aggttcttat atcgggcccg gaggatattt tgcggtttgc tgaacttatc  | 1320 |
| ggaccctacc tcttgggggc caagaggag agacttgacg cgctggaagc tgaggcccg    | 1380 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| aggcggtttgc ctggacaggg atggcacttg cggcttgttc ttcctgccgt ggcgtacaga | 1440 |
| gtgagcgagg ctaaaaggcg ctccgggattt tcgtggagtg aagccggtcg gcgcgtcgca | 1500 |
| gttgcgggat cgtgtttgtc atctggactc aacctcaaat tgcccagacg ctacctttct  | 1560 |
| cggcaccggt tgctcgtgct cggtagaggct tttgccgacc ctgggctgga agcgtcgcg  | 1620 |
| gaaggccaag tgctctggga ccctattgtt gctgtcgaac cggccggtaa ggcgagaaca  | 1680 |
| ttcgacttgc gcgttccacc ctttgcaaac ttctgtgagcg aggacctggt ggtgcataac | 1740 |
| tccattgttg ggacagccac gttcgatcag tactggagcg tgcgcacctc taagcggact  | 1800 |
| tcaggaacag tgaccgtgac cgatcacttc cgcgcctggg cgaaccgggg cctgaacctc  | 1860 |
| ggcacaatag accaaattac attgtgcgtg gagggttacc aaagctcttg atcagccaac  | 1920 |
| atcaccacga acacottctc tcagggctct tcttccggca gttcgggttg ctcctccggc  | 1980 |
| tccacaacga ctactcgcat cgagtgtgag aacatgtcct tgtccggacc ctacgttagc  | 2040 |
| aggatcacca atccctttaa tggatttgcg ctgtacgcca acggagacac agcccgcgt   | 2100 |
| accgttaact tccccgcaag tcgcaactac aatttccgcc tgcgggggtg cggcaacaac  | 2160 |
| aataatcttg cccgtgtgga cctgaggatc gacggacgga ccgtcgggac cttttattac  | 2220 |
| cagggcacat acccctggga ggcccccaatt gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac | 2280 |
| acagtcgaaa tcaactgttac tgcggataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg | 2340 |
| gtgatacag                                                          | 2349 |

<210> 36  
 <211> 2349  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

220>  
 <223> Construcción sintética, S158-3103

<400> 36

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| atgttcotta agaaactgtc taagttgctg ctcgctcgtg tccttgttgc cgtttacaca  | 60  |
| caggtcaacg cgcaacaag cattactctg acatccaacg catccggtac gtttgacggt   | 120 |
| tactattacg aactctggaa ggatactggc aatacaacaa tgacggtcta cactcaagggt | 180 |
| cgcttttctc gccagtggtc gaacatcaat aacgcgttgt ttaggaccgg gaagaaatac  | 240 |
| aaccagaatt ggcagtcctc tggcacaatc cggatcacgt actctgcgac ttacaacca   | 300 |
| aacgggaact cctacttgtg tatctatggc tggctotacca acccattggt cgagttctac | 360 |
| atcgttgagt cctgggggaa ctggagaccg cctggtgcca cgtccctggg ccaagtgaca  | 420 |
| atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttgcctggcc  | 480 |
| gagggctcgc tcgtcttggg cgcggctacc gggcagaggg tccctatcga aaaggtgogt  | 540 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ccggggatgg aagttttctc cttgggacct gattacagac tgtatcgggt gcccgttttg  | 600  |
| gaggtccttg agagcggggg tggggaagtt gtgcgcctca gaactcgggc agggagaacg  | 660  |
| ctggtgttga caccagatca cccgcttttg acccccgaag gttggaaacc tttttgtgac  | 720  |
| ctcccgttg gaactccaat tgcagtcctc gcagaactgc ctgtggcggg ccacttggcc   | 780  |
| ccacctgaag aacgtgttac gctcctggct cttctgttgg gggatgggaa cacaagctg   | 840  |
| tcgggtcggg gaggtacacg tctaatagcc ttcttctaca gcaaagacc cgaattgctc   | 900  |
| gcggcttata gcgggtgtgc agaagccttg ggtgcaaagg tgaaagcata cgtccaccgc  | 960  |
| actacggggg tggttacact cgcaaccctc gctccacgtc ctggagctca agatcctgtc  | 1020 |
| aaacgcctcg ttgtcgaggc gggaatggtt gctaaagccg aagagaagag ggtcccggag  | 1080 |
| gaggtgtttc gttaccggcg tgaggcgttg gcccttttct tgggcccgtt gttctcgaca  | 1140 |
| gacggctctg ttgaaaagaa gaggatctct tattcaagtg ccagtttggg actggcccag  | 1200 |
| gatgtcgcac atctcttgct gcgccttggg attacatctc aactccgttc gagagggcca  | 1260 |
| cgggctcacg aggttcttat atcgggccgc gaggatattt tgcggtttgc tgaacttata  | 1320 |
| ggacctacc tcttgggggc caagaggag agacttgacg cgttgaagc tgaggcccgc     | 1380 |
| aggcgtttgc ctggacaggg atggcacttg cggcttgttc ttctgcctg gggtacaga    | 1440 |
| gtgagcgagg ctaaaaggcg ctcggtattt tcgtggagtg aagccggtcg gcgcgtcgca  | 1500 |
| gttgcgggat cgtgtttgtc atctggactc aacctcaaat tgcccagacg ctacctttct  | 1560 |
| cggcaccggt tgtcgatgct cgggtgaggt tttgccgacc ctgggctgga agcgtcgcg   | 1620 |
| gaaggccaag tgctctggga ccctattgtt gctgtcgaac cggccggtaa ggcgagaaca  | 1680 |
| ttcgacttgc gcgttcacc ctttgcaaac ttcttgagcg aggacctggt ggtgcataac   | 1740 |
| tccattgtgg ggacagccac gttcgatcag tactggagcg tgcgcacctc taagcggact  | 1800 |
| tcaggaaacg tgaccgtgac cgatcacttc cgggcctggg cgaaccgggg cctgaacctc  | 1860 |
| ggcacaatag accaaattac attgtgcgtg gagggttacc aaagctctgg atcagccaac  | 1920 |
| atcaccagaa acaccttctc tcagggtctc tottccggca gttcgggtgg ctcacccggc  | 1980 |
| tcacacaacg ctgctcgcat cgagtgtgag aacatgtcct tgtccggtcc ctacgttagc  | 2040 |
| aggatcacca atccctttaa tggatttgcg ctgtacgcc aaggagacac agcccgct     | 2100 |
| accgttaact tccccgcaag tcgcaactac aatttccgcc tgcggggttg cggcaacaac  | 2160 |
| aataatcttg cccgtgtgga cctgaggatc gacggacgga ccgtcgggac cttttattac  | 2220 |
| cagggcacat acccctggga ggcccccaatt gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac | 2280 |
| acagtcgaaa tcaactgttac tgcggataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg | 2340 |
| gtgatacag                                                          | 2349 |

<210> 37  
 <211> 2349  
 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-3108

5

<400> 37

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| atgttcotta agaaactgtc taagttgctg ctogtctgtgc tccttggtgc cgtttacaca | 60   |
| cagggtcaacg cgcaaacaag cattactctg acatccaacg catccggtac gtttgacggt | 120  |
| tactattacg aactctggaa ggatactggc aatacaacaa tgacggtcta cactcaaggt  | 180  |
| cgcttttctc gccagtggtc gaacatcaat aacgcgttgt ttaggaccgg gaagaaatac  | 240  |
| aaccagaatt ggcagtctct tggcacaatc cggatcacgt actctgcgac ttacaaccca  | 300  |
| aacgggaact cctacttggt tatctatggc tggctetacca acccattggt cgagttctac | 360  |
| atcgttgagt cctgggggaa ctggagaccg cctggtgcc agtccctggg ccaagtgaca   | 420  |
| atcgtatggc ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttgcctggcc  | 480  |
| gagggctcgc tcgtcttga cgcggctacc gggcagaggg tccttatcga aaaggtgcgt   | 540  |
| ccggggatgg aagttttctc cttgggacct gattacagac tgtatcgggt gcccgttttg  | 600  |
| gaggtccttg agagcggggg tggggaagtt gtgcgcctca gaactcggc agggagaacg   | 660  |
| ctggtgttga caccagatca cccgcttttg acccccgaag gttggaaacc tctttgtgac  | 720  |
| ctcccgttg gaactccaat tgcagtcccc gcagaactgc ctgtggcggg ccacttggcc   | 780  |
| ccacctgaag aacgtgttac gtcctgggt cttctgttgg gggatgggaa cacaaagctg   | 840  |
| tcgggtcggg gaggtacacg tcctaatagcc ttctttctaca gcaaagacct cgaattgtc | 900  |
| gcgggttatc gccggtgtgc agaagccttg ggtgcaaagg tgaaagcata cgtccaccog  | 960  |
| actacggggg tggttacact cgcaaccctc gctccacgtc ctggagctca agatcctgtc  | 1020 |
| aaacgcctcg ttgtcgaggc gggaaatggt gctaaagccg aagagaagag ggtcccggag  | 1080 |
| gaggtgtttc gttaccggcg tgaggcgttg gcccttttct tgggcccgtt gttctcgaca  | 1140 |
| gacggctctg ttgaaaagaa gaggatctct tattcaagtg ccagtttggg actggcccag  | 1200 |
| gatgtcgcac atctcttgct gcgccttga attacatctc aactccgttc gagagggcca   | 1260 |
| cgggctcaca aggttcttat atcgggccgc gaggatattt tgcggtttgc tgaacttatc  | 1320 |
| ggaccctacc tcttgggggc caagagggag agacttgacg cgctggaagc tgaggcccgc  | 1380 |
| aggcgtttgc ctggacaggg atggcacttg cggcttgttc ttctgcccgt ggcgtacaga  | 1440 |
| gtgagcgagg ctaaaaggcg ctcgggattt tcgtggagtg aagccggtcg gcgcgtcgca  | 1500 |
| gttgccggat cgtgtttgtc atctggactc aacctcaaat tgcccagacg ctacctttct  | 1560 |
| cggcacccgt tgctcgtgct cggtagggt tttgcgcacc ctgggctgga agcgcctcgcg  | 1620 |

gaaggccaag tgctctggga ccctattggt gctgtcgaa cggccggtaa ggcgagaaca 1680  
 ttcgacttgc gcggtccacc ctttgcaaac ttctgtgagcg aggacctggt ggtgcataac 1740  
 tccattgtgg ggacagccac gtctgatcag tactggagcg tgcgcacctc taagcggact 1800  
 tcaggaacag tgaccgtgac cgatcacttc cgcgcctggg cgaaccgggg cctgaacctc 1860  
 ggcacaatag accaaattac attgtgcgtg gaggggtacc aaagctctgg atcagccaac 1920  
 atcaccacaga acaccttctc tcagggctct tcttcgggca gttcgggtgg ctcatccggc 1980  
 tccacaacga ctactcgcat cgagtgtgag aacatgtcct tgtccggacc ctacgttagc 2040  
 aggatcacca atccctttaa tggatttgcg ctgtacgcca acggagacac agcccgcgct 2100  
 accgttaact tccccgcaag tcgcaactac aatttcggcc tgcgggggtg cggcaacaac 2160  
 aataatcttg cccgtgtgga cctgaggatc gacggacgga ccgtcgggac cttttattac 2220  
 cagggcacat acccctggga ggccccaatt gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac 2280  
 acagtcgaaa tcaactgttac tgcggataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg 2340  
 gtgatacag 2349

<210> 38

<211> 2349

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, S158-30

10 <400> 38

atgttcctta agaaactgtc taagttgctg ctctgtctgc tccttggtgc cgtttacaca 60  
 caggtaacg cgcaaacaag cattactctg acatccaacg catccggtac gtttgacggt 120  
 tactattacg aactctggaa ggatactggc aatacaacaa tgacggtcta cactcaaggt 180  
 cgcttttctt gccagtggc gaacatcaat aacgcgttgt ttaggaccgg gaagaaatac 240  
 aaccagaatt ggcagtctct tggcacaatc cggatcacgt actctgcgac ttacaacca 300  
 aacgggaact cctacttgtg tatctatggc tgggtotacca acccattggt cgagttctac 360  
 atcgttgagt cctgggggaa ctggagaccg cctggtgcca cgtccctggg ccaagtgaca 420  
 atcgatggcg ggacctacga catctatagg acgacacgcg tcaaccagcc ttgcctggcc 480  
 gagggctcgc tcgtcttgga cgcggctacc gggcagaggg tccctatcga aaaggtgctg 540  
 cgggggatgg aagttttctc cttgggacct gattacagac tgtatcgggt gcccgttttg 600  
 gaggtccttg agagcggggg tagggaaggt gtgcgcctca gaactcggtc agggagaacg 660  
 ctggtgttga caccagatca cccgcttttg acccccgaag gttggaaacc tctttgtgac 720  
 ctcccgcttg gaactccaat tgcagtcctc gcagaactgc ctgtggcggg ccacttggcc 780  
 ccacctgaag aacgtgttac gctcctggct cttctgttgg gggatgggaa cacaagctg 840

```

tcgggtcgga gaggtacacg tcctaatagcc ttctttctaca gcaaagaccc cgaattgctc      900
gcggcttata gccggtgtgc agaagccttg ggtgcaaagg tgaaagcata cgtccacccg      960
actacggggg tggttacact cgcaaccctc gctccacgtc ctggagctca agatcctgtc     1020
aaacgcctcg ttgtcgaggc gggaatggtt gctaaagccg aagagaagag ggtcccgag      1080
gagggtgtttc gttaccggcg tgaggcggtt gcccttttct tgggcccgtt gttctcgaca     1140
gacggctctg ttgaaaagaa gaggatctct tattcaagtg ccagtttggg actggcccag      1200
gatgtcgcac atctcttgct gcgccttgga attacatctc aactccgttc gagagggcca      1260
cgggctcacg aggttcttat atcgggccgc gaggatattt tgccggttgc tgaacttata      1320
ggaccctacc tcttgggggc caagaggag agacttgacg cgctggaagc tgaggccgc      1380
aggcgtttgc ctggacaggg atggcacttg cggcttggtc ttctgcccgt ggcgtacaga      1440
gtgagcgagg ctaaaaggcg ctccggattt tcgtggagtg aagccggtcg gcgcgtcgca      1500
gttgccgggat cgtgtttgtc atctggactc aacctcaaat tgcccagacg ctacctttct      1560
cggcacccgt tgtcgatgct cggtgaggct tttgccgacc ctgggctgga agcgctcgcg      1620
gaaggccaag tgctctggga ccctattgtt gctgtcgaac cggcccgtaa ggcgagaaca      1680
ttcgacttgc gcgttccacc ctttgcaaac ttctgtgagcg aggacctggt ggtgcataac      1740
tccattgtgg ggacagccac gttcgatcag tactggagcg tgccgacctc taagcggact      1800
tcaggaacag tgaccgtgac cgatcacttc cgcgcctggg cgaaccgggg cctgaacctc      1860
ggcacaatag accaaattac attgtgcgtg gagggttacc aaagctctgg atcagccaac      1920
atcaccacaga acaccttctc tcagggtctc tcttccggca gttcgggtgg ctcatccggc      1980
tccacaacga ctactcgcat cgagtgtgag aacatgtcct tgtccggacc ctacgttagc      2040
aggatcacca atccctttaa tggatttgcg ctgtacgcca acggagacac agcccgcgct      2100
accgttaact tccccgcaag tcgcaactac aatttccgcc tgccggggtg cggcaacaac      2160
aataatcttg cccgtgtgga cctgaggatc gacggacgga ccgtcgggac cttttattac      2220
cagggcacat acccctggga ggccccaatt gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac      2280
acagtcgaaa tcaactgttac tgccgataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg      2340
gtgatacacg

```

<210> 39

<211> 24

5 <212> PRT

<213> *Dictyoglomus thermophilum*

<400> 39

```

Met Phe Leu Lys Lys Leu Ser Lys Leu Leu Leu Val Val Leu Leu Val
1           5           10          15

```

Ala Val Tyr Thr Gln Val Asn Ala  
20

<210> 40

<211> 433

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Tth iXynB clon T134

10 <400> 40

Arg Pro Pro Gly Ala Cys Leu Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala  
1 5 10 15

Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu  
20 25 30

Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu  
35 40 45

Glu Val Leu Glu Ser Gly Val Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg  
50 55 60

Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro  
65 70 75 80

Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala  
85 90 95

Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu  
100 105 110

Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu  
115 120 125

Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys Asp  
130 135 140

Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala  
145 150 155 160

Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala  
165 170 175

Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val  
180 185 190

Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu  
 195 200 205  
 Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg  
 210 215 220  
 Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser  
 225 230 235 240  
 Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg  
 245 250 255  
 Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu  
 260 265 270  
 Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile  
 275 280 285  
 Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu  
 290 295 300  
 Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu  
 305 310 315 320  
 Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser  
 325 330 335  
 Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser  
 340 345 350  
 Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser  
 355 360 365  
 Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu  
 370 375 380  
 Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val  
 385 390 395 400  
 Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe  
 405 410 415  
 Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Thr Ser Leu Gly  
 420 425 430  
 Gln

<210> 41  
 <211> 433  
 <212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial  
 <220>  
 <223> Construcción sintética, Tth iXynB clon S158

<400> 41

10

Arg Val Asn Gln Pro Cys Leu Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala  
 1 5 10 15

Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu  
 20 25 30

Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu  
 35 40 45

Glu Val Leu Glu Ser Gly Val Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg  
 50 55 60

Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro  
 65 70 75 80

Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala  
 85 90 95

Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu  
 100 105 110

Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu  
 115 120 125

Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys Asp  
 130 135 140

Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala  
 145 150 155 160

Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala  
 165 170 175

Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val  
 180 185 190

Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu  
 195 200 205

Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg  
210 215 220

Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser  
225 230 235 240

Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg  
245 250 255

Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His Glu  
260 265 270

Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu Ile  
275 280 285

Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu Glu  
290 295 300

Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg Leu  
305 310 315 320

Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg Val Ser Glu Ala Lys Arg Arg Ser  
325 330 335

Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly Ser  
340 345 350

Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu Ser  
355 360 365

Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu  
370 375 380

Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val  
385 390 395 400

Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe  
405 410 415

Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Ser Ile Val Gly  
420 425 430

Thr

<210> 42  
<211> 57  
<212> PRT

<213> *Thermus thermophilus*

<400> 42

Leu Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gln Arg Val  
1 5 10 15

Pro Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly Pro  
20 25 30

Asp Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu Glu Val Leu Glu Ser Gly  
35 40 45

Val Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr  
50 55

5 <210> 43  
<211> 4  
<212> PRT  
<213> *Thermus thermophilus*

10 <400> 43

Leu Ala Glu Gly  
1

<210> 44  
<211> 60  
<212> PRT

15 <213> *Mycobacterium tuberculosis*

<400> 44

Leu Ala Glu Gly Thr Arg Ile Phe Asp Pro Val Thr Gly Thr Thr His  
1 5 10 15

Arg Ile Glu Asp Val Val Asp Gly Arg Lys Pro Ile His Val Val Ala  
20 25 30

Ala Ala Lys Asp Gly Thr Leu His Ala Arg Pro Val Val Ser Trp Phe  
35 40 45

Asp Gln Gly Thr Arg Asp Val Ile Gly Leu Arg Ile  
50 55 60

20 <210> 45  
<211> 60  
<212> PRT  
<213> *Thermus thermophilus*

25 <400> 45

Arg Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr

1 5 10 15

Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile  
20 25 30

Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu  
35 40 45

Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp  
50 55 60

<210> 46

<211> 4

5 <212> PRT

<213> *Thermus thermophilus*

<400> 46

Thr Pro Asp His

1

10 <210> 47

<211> 60

<212> PRT

<213> *Mycobacterium tuberculosis*

15 <400> 47

Ala Gly Gly Ala Ile Leu Trp Ala Thr Pro Asp His Lys Val Leu Thr  
1 5 10 15

Glu Tyr Gly Trp Arg Ala Ala Gly Glu Leu Arg Lys Gly Asp Arg Val  
20 25 30

Ala Gln Pro Arg Arg Phe Asp Gly Phe Gly Asp Ser Ala Pro Ile Pro  
35 40 45

Ala Arg Val Gln Ala Leu Ala Asp Ala Leu Asp Asp  
50 55 60

<210> 48

<211> 53

20 <212> PRT

<213> *Thermus thermophilus*

<400> 48

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

Arg Arg Ser Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val  
20 25 30

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

Tyr Leu Ser Arg His  
50

<210> 49

<211> 52

<212> PRT

5 <213> *Mycobacterium tuberculosis*

<400> 49

Leu Arg Ile Ala Gly Gly Ala Ile Leu Trp Ala Thr Pro Asp His Lys  
1 5 10 15

Val Leu Thr Glu Tyr Gly Trp Arg Ala Ala Gly Glu Leu Arg Lys Gly  
20 25 30

Asp Arg Val Ala Gln Pro Arg Arg Phe Asp Gly Phe Gly Asp Ser Ala  
35 40 45

Pro Ile Pro Ala  
50

10 <210> 50

<211> 57

<212> PRT

<213> *Thermus thermophilus*

15 <400> 50

Arg Leu Ser Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly Leu Glu Ala  
1 5 10 15

Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala Val Glu Pro  
20 25 30

Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro Phe Ala Asn  
35 40 45

Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His  
50 55

<210> 51

<211> 6

<212> PRT

20 <213> *Thermus thermophilus*

<400> 51

Ala Arg Thr Phe Asp Leu

1

5

<210> 52

<211> 57

<212> PRT

5 <213> *Mycobacterium tuberculosis*

<400> 52

Arg Val Gln Ala Leu Ala Asp Ala Leu Asp Asp Lys Phe Leu His Asp  
1 5 10 15

Met Leu Ala Glu Glu Leu Arg Tyr Ser Val Ile Arg Glu Val Leu Pro  
20 25 30

Thr Arg Arg Ala Arg Thr Phe Asp Leu Glu Val Glu Glu Leu His Thr  
35 40 45

Leu Val Ala Glu Gly Val Val Val His  
50 55

10 <210> 53

<211> 46

<212> PRT

<213> *Thermus thermophilus*

15 <400> 53

Arg Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr  
1 5 10 15

Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile  
20 25 30

Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Asp  
35 40 45

<210> 54

<211> 46

<212> PRT

20 <213> *Thermus thermophilus*

<400> 54

Pro Gly Leu Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile  
1 5 10 15

Val Ala Val Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val  
20 25 30

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

<210> 55  
 <211> 46  
 <212> PRT  
 <213> *Mycobacterium tuberculosis*

5

<400> 55  
 Lys Phe Leu His Asp Met Leu Ala Glu Glu Leu Arg Tyr Ser Val Ile  
 1 5 10 15  
 Arg Glu Val Leu Pro Thr Arg Arg Ala Arg Thr Phe Asp Leu Glu Val  
 20 25 30  
 Glu Glu Leu His Thr Leu Val Ala Glu Gly Val Val Val His  
 35 40 45

<210> 56  
 <211> 9983  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

10

<220>  
 <223> Construcción sintética, pAG2004

15

<400> 56  
 ccgatggccg agctgtggat gggcgacacat ccgaaaagca gttcacgagt gcagaatgcc 60  
 gccggagata tcgtttcact gcgtgatgtg attgagagtg ataaatcgac tctgctcgga 120  
 gaggccgttg ccaaacgctt tggcgaactg cctttcctgt tcaaagtatt atgcgcagca 180  
 cagccactct ccattcaggt tcatccaaac aaacacaatt ctgaaatcgg ttttgccaaa 240  
 gaaaatgccg caggtatccc gatggatgcc gccgagcgta actataaaga tcctaaccac 300  
 aagccggagc tggtttttgc gctgacgcct ttccttgoga tgaacgcgtt tcgtgaattt 360  
 tccgagattg tctccctact ccagccggtc gcaggtgac atccggcgat tgctcacttt 420  
 ttacaacagc ctgatgccga acgtttaagc gaactgttcg ccagcctgtt gaatatgcag 480  
 ggtgaagaaa aatcccgcgc gctggcgatt ttaaaatcgg ccctcgatag ccagcagggt 540  
 gaaccgtggc aaacgattcg ttttaatttct gaattttacc cggaagacag cggctctgttc 600  
 tccccgctat tgctgaatgt ggtgaaattg aaccttggcg aagcgatgtt cctgttcgct 660  
 gaaacaccgc acgcttacct gcaaggcgtg gcgctggaag tgatggcaaa ctccgataac 720  
 gtgctgcgtg cgggtctgac gcctaaatac attgatattc cggaactggt tgccaatgtg 780  
 aaattcgaag ccaaaccggc taaccagttg ttgaccagc cggtgaaaca aggtgcagaa 840  
 ctggacttcc cgattccagt ggatgatttt gccttctcgc tgcattgacct tagtgataaa 900  
 gaaaccacca ttagccagca gagtgccgcc attttgttct gcgtcgaagg cgatgcaacg 960  
 ttgtggaaag gttctcagca gttacagctt aaaccgggtg aatcagcgtt tattgccgcc 1020

|             |             |            |             |            |             |      |
|-------------|-------------|------------|-------------|------------|-------------|------|
| aacgaatcac  | cgggtgactgt | caaaggccac | ggccgttttag | cgcgtgttta | caacaagctg  | 1080 |
| taagagctta  | ctgaaaaaat  | taacatctct | tgctaagctg  | ggagctctag | atccccgaat  | 1140 |
| ttccccgatc  | gttcaaacat  | ttggcaataa | agtttcttaa  | gattgaatcc | tgttgcggt   | 1200 |
| cttgcgatga  | ttatcatata  | atttctgttg | aattacgtta  | agcatgtaat | aattaacatg  | 1260 |
| taatgcatga  | cgttatattat | gagatgggtt | tttatgatta  | gagtcccgca | attatacatt  | 1320 |
| taatacgcca  | tagaaaacaa  | aatatagcgc | gcaaactagg  | ataaattatc | gcgcgcggtg  | 1380 |
| tcactctatgt | tactagatcg  | ggaattggcg | agctcgaatt  | aattcagtac | attaaaaacg  | 1440 |
| tccgcaatgt  | gttattaagt  | tgtctaagcg | tcaatttggt  | tacaccacaa | tatatcctgc  | 1500 |
| caccagccag  | ccaacagctc  | cccgaaccgc | agctcggcac  | aaaatcacca | ctcgatacag  | 1560 |
| gcagcccatc  | agtcggggac  | ggcgtcagcg | ggagagccgt  | tgtaaggcgg | cagactttgc  | 1620 |
| tcagtgtacc  | gatgctattc  | ggaagaacgg | caactaagct  | gcccgggttg | aaacacggat  | 1680 |
| gatctcgcgg  | agggtagcat  | gttgattgta | acgatgacag  | agcgttgctg | cctgtgatca  | 1740 |
| aatatcatct  | ccctcgcaga  | gatccgaatt | atcagccttc  | ttattcattt | ctcgcttaac  | 1800 |
| cgtgacaggc  | tgtcgatctt  | gagaactatg | ccgacataat  | aggaaatcgc | tggataaagc  | 1860 |
| cgcctgaggaa | gctgagtggc  | gctattttct | tagaagtga   | cgttgacgat | cgtcgaccgt  | 1920 |
| accccgatga  | attaattcgg  | acgtacgttc | tgaacacagc  | tggatactta | cttggggcat  | 1980 |
| tgtcatacat  | gacatcaaca  | atgtaccctg | ttgtgtaacc  | gtctcttgga | ggttcgtatg  | 2040 |
| acactagtgg  | ttccccctcag | cttgcgacta | gatgttgagg  | cctaacattt | tattagagag  | 2100 |
| caggctagtt  | gcttagatac  | atgatcttca | ggccgttatc  | tgtcagggca | agcgaaaatt  | 2160 |
| ggccatttat  | gacgaccaat  | gccccgcaga | agctcccatc  | tttgccgcca | tagacgcgc   | 2220 |
| gccccctttt  | tgggggtgtag | aacatccttt | tgccagatgt  | ggaaaagaag | ttcgttgtcc  | 2280 |
| cattgtttggc | aatgacgtag  | tagccggcga | aagtgcgaga  | cccatttgcg | ctatatataa  | 2340 |
| gcctacgatt  | tccgttgcca  | ctattgtcgt | aattggatga  | actattatcg | tagttgctct  | 2400 |
| cagagttgtc  | gtaatttgat  | ggactattgt | cgtaattgct  | tatggagttg | tcgtagttgc  | 2460 |
| ttggagaaat  | gtcgtagttg  | gatggggagt | agtcataagg  | aagacgagct | tcattccacta | 2520 |
| aaacaattgg  | caggtcagca  | agtgcctgcc | ccgatgccat  | cgcaagtacg | aggcttagaa  | 2580 |
| ccaccttcaa  | cagatcgccg  | atagtcttcc | ccagctctct  | aacgcttgag | ttaagccgcg  | 2640 |
| ccgcgaagcg  | gcgtcggttt  | gaacgaattg | ttagacatta  | tttgccgact | accttggtga  | 2700 |
| tctcgccttt  | cacgtagtga  | acaaattctt | ccaactgata  | tgcgcgcgag | gccaaagcat  | 2760 |
| cttcttgtcc  | aagataagcc  | tgcttagctt | caagtatgac  | gggctgatac | tgggccggca  | 2820 |
| ggcgctccat  | tgcccagtcg  | gcagcgacat | ccttcggcgc  | gattttgccc | gttactgcgc  | 2880 |
| tgtaccaa    | at          | gcgggacaac | gtaagcacta  | catttcgctc | atcgccagcc  | 2940 |

gcgagttcca tagcgttaag gtttcattta ggcctcaaaa tagatcctgt tcaggaaccg 3000  
 gatcaaagag ttctccgcc gctggacct ccaaggcaac gctatgttct cttgcttttg 3060  
 tcagcaagat agccagatca atgtcgatcg tggctggctc gaagatacct gcaagaatgt 3120  
 cattgcgctg ccattctcca aattgcagtt cgcgcttagc tggataacgc cacggaatga 3180  
 tgtcgtcgtg cacaacaatg gtgacttcta cagcgcggag aatctcgctc tctccagggg 3240  
 aagccgaagt ttccaaaag tctgtgatca aagctcgccg cgttggttca tcaagcctta 3300  
 cggtcaccgt aaccagcaaa tcaatatcac tgtgtggctt caggccgcca tccactgcgg 3360  
 agccgtacaa atgtacggcc agcaacgtcg gttcgagatg gcgctcgatg acgccaacta 3420  
 cctctgatag ttgagtcgat acttcggcga tcaccgcttc cctcatgatg ttttaactct 3480  
 gaattaagcc ggcgcgcgaa gcggtgtcgg cttgaatgaa ttgtagggc tcatcctgtg 3540  
 ctcccgagaa ccagtaccag tacatcgctg tttcgttcga gacttgaggt ctagttttat 3600  
 acgtgaacag gtcaatgccg ccgagagtaa agccacattt tgcgtaaaaa ttgcaggcag 3660  
 gtacattgtt cgtttgtgtc tctaatacga tgccaaggag ctgtctgctt agtgcccact 3720  
 ttttcgcaaa ttgatgaga ctgtgcgcga ctcttttgcc tgggtgcgtg tgcgacacaa 3780  
 caatgtgttc gatagaggct agatcgttcc atgttgagtt gagttcaatc ttcccgacaa 3840  
 gctcttggtc gatgaatgcg ccatagcaag cagagtcttc atcagagtca tcatccgaga 3900  
 tgtaatcctt ccggtagggg ctccaccttc tggtagatag ttcaaagcct tggtcggata 3960  
 ggtgcacatc gaacacttca cgaacaatga aatggttctc agcatccaat gtttccgcca 4020  
 cctgctcagg gatcaccgaa atcttcatat gacgcctaac gcctggcaca gcggatcgca 4080  
 aacctggcgc ggcttttggc acaaaaggcg tgacaggttt gogaatccgt tgcgtccact 4140  
 tgtaaacctt tttgccagat ttggtaacta taatttatgt tagaggcgaa gtcttgggta 4200  
 aaaactggcc taaaattgct ggggatttca ggaaagtaaa catcaccttc cggctcgatg 4260  
 tctattgtag atatatgtag tgtatctact tgatcggggg atctgctgcc tcgcgcgttt 4320  
 cgggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtc cagcttgtct 4380  
 gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg ttggcgggtg 4440  
 tcggggcgca gccatgacct agtcacgtag cgatagcgga gtgtatactg gcttaactat 4500  
 gcggcatcag agcagattgt actgagagtg caccatatgc ggtgtgaaat accgcacaga 4560  
 tgcgtaagga gaaaataccg catcaggcgc tcttccgctt cctcgctcac tgactcgctg 4620  
 cgctcggctc ttccgctcgc gcgagcggta tcagctcact caaaggcggg aatacggtta 4680  
 tccacagaat caggggataa cgcaggaaag aacatgtgag caaaaggcca gcaaaaggcc 4740  
 aggaaccgta aaaaggccgc gttgctggcg tttttccata ggctccgcc cctgacgag 4800

|             |            |             |             |            |            |      |
|-------------|------------|-------------|-------------|------------|------------|------|
| catcacaaaa  | atcgacgctc | aagtcagagg  | tggcgaaaacc | cgacaggact | ataaagatac | 4860 |
| caggcgtttc  | cccttggaag | ctccctcgtg  | cgctctcctg  | ttccgaccct | gcgccttacc | 4920 |
| ggatacctgt  | cgccttttct | cccttcggga  | agcgtggcgc  | tttctcatag | ctcacgctgt | 4980 |
| aggtatctca  | gttcggtgta | ggtcgttcgc  | tccaagctgg  | gctgtgtgca | cgaaccccc  | 5040 |
| gttcagcccg  | accgctgcgc | cttatccggt  | aactatcgtc  | ttgagtccaa | cccggtaaga | 5100 |
| cacgacttat  | cgcactggc  | agcagccact  | ggtaacagga  | ttagcagagc | gaggatatgt | 5160 |
| ggcggtgcta  | cagagttctt | gaagtgggtg  | cctaactacg  | gctacactag | aaggacagta | 5220 |
| tttggtatct  | gcgctctgct | gaagccagtt  | accttcggaa  | aaagagttgg | tagctcttga | 5280 |
| tccggcaaac  | aaaccaccgc | tggtagcgg   | ggtttttttg  | tttgcaagca | gcagattacg | 5340 |
| cgcagaaaaa  | aaggatctca | agaagatcct  | ttgatctttt  | ctacggggtc | tgacgctcag | 5400 |
| tggaaacgaaa | actcacgtta | agggattttg  | gtcatgagat  | tatcaaaaag | gatcttcacc | 5460 |
| tagatccttt  | taaattaaaa | atgaagtttt  | aatcaatct   | aaagtatata | tgagtaaact | 5520 |
| tggctctgaca | gttaccaatg | cttaatcagt  | gaggcaccta  | tctcagcgat | ctgtctattt | 5580 |
| cgttcatcca  | tagttgcctg | actccccgtc  | gtgtagataa  | ctacgatacg | ggagggctta | 5640 |
| ccatctggcc  | ccagtgcctg | aatgataccg  | cgagaccac   | gctcacccgc | tccagattta | 5700 |
| tcagcaataa  | accagccagc | cggaaaggcc  | gagcgcagaa  | gtggtcctgc | aactttatcc | 5760 |
| gcctccatcc  | agtctattaa | ttgttgccgg  | gaagctagag  | taagtagttc | gccagttaat | 5820 |
| agtttgcgca  | acgttggtgc | cattgctgca  | gggggggggg  | gggggggggt | ccattgttca | 5880 |
| ttccacggac  | aaaaacagag | aaaggaaaacg | acagaggcca  | aaaagctcgc | tttcagcacc | 5940 |
| tgctgtttcc  | tttcttttca | gagggtattt  | taaataaaaa  | cattaagtta | tgacgaagaa | 6000 |
| gaacggaaac  | gccttaaac  | ggaaaatttt  | cataaatagc  | gaaaaccgc  | gaggtcgccg | 6060 |
| ccccgtaacc  | tgctggatca | ccggaaagga  | cccgtaaagt  | gataatgatt | atcatctaca | 6120 |
| tatcacaacg  | tgcgtggagg | ccatcaaacc  | acgtcaaata  | atcaattatg | acgcaggat  | 6180 |
| cgtatttaatt | gatctgcac  | aacttaacgt  | aaaaacaact  | tcagacaata | caaatcagcg | 6240 |
| acactgaata  | cggggcaacc | tcatgtcccc  | cccccccccc  | ccctgcaggc | atcgtggtgt | 6300 |
| cacgctcgtc  | gtttggtatg | gcttcattca  | gctccggttc  | ccaacgatca | aggcgagtta | 6360 |
| catgatcccc  | catgttgtgc | aaaaaagcgg  | ttagctcctt  | cggtcctccg | atcgttgtca | 6420 |
| gaagtaagtt  | ggcgcagtg  | ttatcactca  | tggttatggc  | agcactgcat | aattctctta | 6480 |
| ctgtcatgcc  | atccgtaaga | tgttttctg   | tgactggtga  | gtactcaacc | aagtcattct | 6540 |
| gagaatagtg  | tatgcggcga | ccgagttgct  | cttgcccggc  | gtcaacacgg | gataataccg | 6600 |
| cgccacatag  | cagaacttta | aaagtgtcga  | tcattggaaa  | acgttcttcg | gggcgaaaac | 6660 |
| tctcaaggat  | cttaccgctg | ttgagatcca  | gttcgatgta  | accactcgt  | gcacccaact | 6720 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gatcttcagc atcttttact ttcaccagcg tttctgggtg agcaaaaaca ggaaggcaaa  | 6780 |
| atgccgcaaa aaaggaata agggcgacac ggaaatgttg aatactcata ctcttccttt   | 6840 |
| ttcaatatta ttgaagcatt tatcagggtt attgtctcat gagcggatac atatattgaat | 6900 |
| gtatttagaa aaataaacia ataggggttc cgcgcacatt tccccgaaa gtgccacctg   | 6960 |
| acgtctaaga aaccattatt atcatgacat taacctataa aaataggcgt atcacgaggc  | 7020 |
| cctttcgtct tcaagaattg gtgcagatc ttgctgcgtt cggatatttt cgtggagttc   | 7080 |
| ccgccacaga cccggattga aggcgagatc cagcaactcg cgcagatca tcctgtgacg   | 7140 |
| gaactttggc gcgtgatgac tggccaggac gtgcggccga agagcgacaa gcagatcacg  | 7200 |
| cttttcgaca gcgtcggatt tgcgatcgag gatcttttcgg cgtgcgcta cgtccgcgac  | 7260 |
| cgcgttgagg gatcaagcca cagcagccca ctgcaccttc tagccgacct agacgagcca  | 7320 |
| agggatcttt ttggaatgct gctccgtcgt caggctttcc gacgtttggg tggttgaaca  | 7380 |
| gaagtcatta tcgcacggaa tgccaagcac tcccgagggg aacctgtgg ttggcatgca   | 7440 |
| catacaaatg gacgaacgga taaacctttt cagccctttt taaatatccg attattctaa  | 7500 |
| taaacgctct tttctcttag gtttaccgc caatatatcc tgtcaaacac tgatagtta    | 7560 |
| aactgaaggc gggaaacgac aacctgatca tgagcggaga attaaggag tcacgttatg   | 7620 |
| accccgccg atgacgcggg acaagccgtt ttacgtttgg aactgacaga accgcaacgt   | 7680 |
| tgaaggagcc actcagctta attaatcta actcgagtta ctggtacgta ccaaaccat    | 7740 |
| ggaatcaagg taccatcaat cccgggtatt catcctaggt atccaagaat tcatactaaa  | 7800 |
| gcttgcatgc ctgcaggctg actctagtaa cggccgccag tgtgctggaa ttaattcggc  | 7860 |
| ttgtcgacca cccaaccca tatcgacaga ggatgtgaag aacaggtaaa tcacgcagaa   | 7920 |
| gaaccatct ctgatagcag ctatcgatta gaacaacgaa tccatattgg gtccgtggga   | 7980 |
| aatacttact gcacaggaag gggcgatct gacgaggccc cgcaccggc ctgcaccga     | 8040 |
| ggccgaggcc gacgaagcgc cggcgagtac ggcgcgcgg cggcctctgc ccgtgccctc   | 8100 |
| tgcgcgtggg agggagaggc cgcggtggtg ggggcgcgcg cgcgcgcgcg cgcagctggt  | 8160 |
| gcggcggcgc gggggtcagc cgcgagccg gcggcgacgg aggagcaggg cggcgtggac   | 8220 |
| gcgaacttcc gatcggttgg tcagagtgcg cgagttgggc ttagccaatt aggtotcaac  | 8280 |
| aatctattgg gccgtaaaat tcatgggccc tggtttgtct aggcccaata tccogttcat  | 8340 |
| ttcagcccac aaatatttcc ccagaggatt attaaaggccc acacgcagct tatagcagat | 8400 |
| caagtacgat gtttctgat cgttggtatc gaaacgtacg gtcttgatca ggcattgccga  | 8460 |
| cttcgtcaaa gagaggcggc atgacctgac gcggagtggg ttccgggcac cgtctggatg  | 8520 |
| gtcgtaccgg gaccggacac gtgtcgcgcc tccaactaca tggacacgtg tgggtgctgcc | 8580 |

attgggcccgt acgcgtggcg gtgaccgcac cggatgctgc ctgcaccgc cttgcccacg 8640  
 ctttatatag agagggtttc tctccattaa tcgcatagcg agtcgaatcg accgaagggg 8700  
 agggggagcg aagctttgcg ttctctaata gcctcgtcaa ggtaactaat caatcacctc 8760  
 gtccaatcc tcgaatctct cgtgggtgccc gtctaatactc gcgattttga tgctcgtggg 8820  
 ggaaagcgta ggaggatccc gtgcgagtta gtctcaatct ctgagggttt cgtgcgattt 8880  
 taggggtgac cacctcttaa tcgagttacg gtttcgtgcg attttagggg aatcctctta 8940  
 atctctcatt gatttagggg ttctgtgagaa tcgaggtagg gatctgtgtt atttatatcg 9000  
 atctaataga tggattgggt ttgagattgt tctgtcagat ggggattgtt tcgatatatt 9060  
 accctaataga tgtgtcagat ggggattgtt tcgatatatt accctaataga tgtgtcagat 9120  
 ggggattgtt tcgatatatt accctaataga tggataataa gagtagttca cagttatgtt 9180  
 ttgatcctgc cacatagttt gagttttgtg atcagattta gttttactta tttgtgctta 9240  
 gttcggatgg gattgttctg atattgttcc aatagatgaa tagctcgta ggtaaaaatc 9300  
 tttagggtga gttaggcgac acatagttta tttcctctgg atttgattg gaattgtgtt 9360  
 cttagttttt tccccctgga tttggattgg aattgtgtgg agctgggtta gagaattaca 9420  
 tctgtatcgt gtacacctac ttgaactgta gagcttgggt tctaaggta atttaatctg 9480  
 tattgtatct ggctctttgc ctgattgaac tgtagtgctg atgttgact gtgtttttt 9540  
 acccgtttta tttgctttac tcgtgcaaat caaatctgtc agatgctaga actagggtggc 9600  
 tttattctgt gtctttacat agatctgttg tctgtagtt acttatgtca gttttgttat 9660  
 tatctgaaga ttttttgggt tgttgcttgt tgatgtgggt tgagctgtga gcagcgctct 9720  
 tatgattaat gatgctgtcc aattgtagt tagtatgatg tgattgatat gttcatctat 9780  
 tttgagctga cagtaccgat atcgtaggat ctggtgccaa cttattctcc agctgctttt 9840  
 ttttacctat gtttaattcca atcctttctt gcctcttcca gatccagata atgcagaaac 9900  
 tcattaactc agtgcaaaac tatgcctggg gcagcaaaac ggcgttgact gaactttatg 9960  
 gtatggaaaa tccgtccagc cag 9983

<210> 57  
 <211> 13393  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética, pAG2014

<400> 57

aattcatact aaagcttgca tgccgtcagg tcgactctag taacggccgc cagtgtgctg 60  
 gaattaattc ggcttgtcga ccacccaacc ccatatcgac agaggatgtg aagaacaggt 120  
 aaatcacgca gaagaacca tctctgatag cagctatcga ttagaacaac gaatccatat 180

|             |             |             |             |             |             |      |
|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| tgggtccgtg  | ggaaatactt  | actgcacagg  | aagggggcga  | tctgacgagg  | ccccgccacc  | 240  |
| ggcctcgacc  | cgaggccgag  | gccgacgaag  | cgccggcgag  | tacggcgccg  | cgggggcctc  | 300  |
| tgcccgtgcc  | ctctgcgct   | gggagggaga  | ggccgcggtg  | gtgggggcgc  | gcgcgcgcgc  | 360  |
| gcgcgcagct  | ggtgcggcgg  | cgcgggggtc  | agccgcgcgag | ccggcggcga  | cggaggagca  | 420  |
| gggcggcgtg  | gacgcgaact  | tccgatcggg  | tggtcagagt  | gcgcgagttg  | ggcttagcca  | 480  |
| attaggtctc  | aacaatctat  | tgggcccgtaa | aattcatggg  | ccctggtttg  | tctaggccca  | 540  |
| atatcccgtt  | catttcagcc  | cacaaatatt  | tcccagagg   | attattaagg  | cccacacgca  | 600  |
| gcttatagca  | gatcaagtac  | gatgtttcct  | gatcgttgga  | tcggaacgt   | acggtcttga  | 660  |
| tcaggcatgc  | cgacttcgtc  | aaagagaggg  | ggcatgacct  | gacgcggagt  | tggttccggg  | 720  |
| cacogtctgg  | atggtcgtac  | cgggaccgga  | cacgtgtcgc  | gcctccaact  | acatggacac  | 780  |
| gtgtggtgct  | gccattgggc  | cgtacgcgtg  | gcggtgaccg  | caccggatgc  | tgcttcgcac  | 840  |
| cgccttgccc  | acgctttata  | tagagaggtt  | ttctctccat  | taatcgcata  | gcgagtcgaa  | 900  |
| tcgaccgaag  | gggaggggga  | gcgaagcttt  | gcgttctcta  | atcgccctgt  | caaggtaact  | 960  |
| aatcaatcac  | ctcgtcctaa  | tcctogaato  | tctcgtgggt  | cccgctctaat | ctcgcgattt  | 1020 |
| tgatgctcgt  | ggtggaaagc  | gtaggaggat  | cccgtcgcgag | ttagtctcaa  | tctctcaggg  | 1080 |
| tttcgtgcga  | ttttaggggtg | atccacctct  | taatcgagtt  | acggtttcgt  | gcgatttttag | 1140 |
| ggtaatcctc  | ttaatctctc  | attgatttag  | ggtttcgtga  | gaatcgaggt  | agggatctgt  | 1200 |
| gttattttata | tcgatctaat  | agatggattg  | gttttgagat  | tgttctgtca  | gatggggatt  | 1260 |
| gtttcgatat  | attaccctaa  | tgatgtgtca  | gatggggatt  | gtttcgatat  | attaccctaa  | 1320 |
| tgatgtgtca  | gatggggatt  | gtttcgatat  | attaccctaa  | tgatggataa  | taagagtagt  | 1380 |
| tcacagttat  | gttttgatcc  | tgccacatag  | tttgagtttt  | tgatcagat   | ttagttttac  | 1440 |
| ttattttgtgc | ttagttcgga  | tgggattggt  | ctgatattgt  | tccaatagat  | gaatagctcg  | 1500 |
| ttaggttaaa  | atctttaggt  | tgagttaggc  | gacacatagt  | ttatttcctc  | tggatttgga  | 1560 |
| ttggaattgt  | gttcttagtt  | tttttcccct  | ggatttggt   | tgggaattgtg | tggagctggg  | 1620 |
| ttagagaatt  | acatctgtat  | cgtgtacacc  | tacttgaact  | gtagagcttg  | ggttctaagg  | 1680 |
| tcaatttaat  | ctgtattgta  | tctggctcct  | tgccatagttg | aactgtagtg  | ctgatgttgt  | 1740 |
| actgtgtttt  | tttaccogtt  | ttatttgctt  | tactcgtgca  | aatcaaatct  | gtcagatgct  | 1800 |
| agaactaggt  | ggctttattc  | tgtgttctta  | catagatctg  | ttgtcctgta  | gttacttatg  | 1860 |
| tcagttttgt  | tattatctga  | agatattttt  | ggttgttgct  | tgttgatgtg  | gtgtgagctg  | 1920 |
| tgagcagcgc  | tcttatgatt  | aatgatgctg  | tccaattgta  | gtgtagtatg  | atgtgattga  | 1980 |
| tatgttcato  | tattttgagc  | tgacagtacc  | gatatcgtag  | gatctgggtgc | caacttattc  | 2040 |

|            |            |             |             |             |             |      |
|------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| tccagctgct | tttttttacc | tatgttaatt  | ccaatccttt  | cttgccctctt | ccagatccag  | 2100 |
| ataatgcaga | aactcattaa | ctcagtgcga  | aactatgcct  | ggggcagcaa  | aacggcggtg  | 2160 |
| actgaacttt | atggtatgga | aaatccgtcc  | agccagccga  | tggccgagct  | gtggatgggc  | 2220 |
| gcacatccga | aaagcagttc | acgagtgcag  | aatgccgccg  | gagatatcgt  | ttcactgcgt  | 2280 |
| gatgtgattg | agagtgataa | atcgactctg  | ctcggagagg  | ccgttgccaa  | acgctttggc  | 2340 |
| gaactgcctt | tcctgttcaa | agtattatgc  | gcagcacagc  | cactctccat  | tcaggttcat  | 2400 |
| ccaaacaaac | acaattctga | aatcggtttt  | gccaaagaaa  | atgccgcagg  | tatcccgatg  | 2460 |
| gatgccgccg | agcgtaacta | taaagatcct  | aaccacaagc  | cggagctggt  | ttttgcgctg  | 2520 |
| acgcctttcc | ttgcgatgaa | cgcgtttcgt  | gaattttccg  | agattgtctc  | cctactccag  | 2580 |
| ccggtcgcag | gtgcacatcc | ggcgattgct  | cactttttac  | aacagcctga  | tgccgaacgt  | 2640 |
| ttaagcgaac | tgttcgccag | cctgttgaat  | atgcagggtg  | aagaaaaatc  | ccgcgcgctg  | 2700 |
| gcgattttta | aatcggccct | cgatagccag  | caggggtgaac | cgtggcaaac  | gattcgttta  | 2760 |
| atctctgaat | tttaccggga | agacagcggg  | ctgttctccc  | cgctattgct  | gaatgtgggtg | 2820 |
| aaattgaacc | ctggcgaagc | gatgttcctg  | ttcgctgaaa  | caccgcacgc  | ttacctgcaa  | 2880 |
| ggcgtggcgc | tggaagtgat | ggcaaaactcc | gataacgtgc  | tgctgtcggg  | tctgacgcct  | 2940 |
| aaatacattg | atattccgga | actggttgcc  | aatgtgaaat  | tcgaagccaa  | accggctaac  | 3000 |
| cagttgttga | cccagccggg | gaaacaaggt  | gcagaactgg  | acttcccgat  | tccagtggat  | 3060 |
| gattttgcct | tctcgctgca | tgaccttagt  | gataaagaaa  | ccaccattag  | ccagcagagt  | 3120 |
| gccgccattt | tgttctgcgt | cgaaggcgat  | gcaacgttgt  | ggaaagggtc  | tcagcagtta  | 3180 |
| cagcttaaac | cgggtgaatc | agcgtttatt  | gcgcgcaacg  | aatcacccgt  | gactgtcaaa  | 3240 |
| ggccacggcc | gtttagcgcg | tgtttacaac  | aagctgtaag  | agcttactga  | aaaaattaac  | 3300 |
| atctcttgct | aagctgggag | ctctagatcc  | ccgaatttcc  | ccgatcgttc  | aaacatttgg  | 3360 |
| caataaagtt | tcttaagatt | gaatcctggt  | gccggtcttg  | cgatgattat  | catataattt  | 3420 |
| ctgttgaatt | acgttaagca | tgtaataatt  | aacatgtaat  | gcatgacgtt  | atztatgaga  | 3480 |
| tgggttttta | tgattagagt | cccgaatta   | tacatttaat  | acgcgataga  | aaacaaaata  | 3540 |
| tagcgcgcaa | actaggataa | attatcgccg  | gcgggtgtcat | ctatgttact  | agatcgggaa  | 3600 |
| ttggcgagct | cgaattaatt | cagtacatta  | aaaacgtccg  | caatgtgtta  | ttaagttgtc  | 3660 |
| taagcgtcaa | tttgtttaca | ccacaatata  | tcctgccacc  | agccagccaa  | cagctccccg  | 3720 |
| accggcagct | cggcacaaaa | tcaccactcg  | atacaggcag  | cccatcagtc  | cgggacggcg  | 3780 |
| tcagcgggag | agccgttgta | aggcggcaga  | ctttgctcat  | gttaccgatg  | ctattcggaa  | 3840 |
| gaacggcaac | taagctgccg | ggtttgaaac  | acggatgata  | tcgcggaggg  | tagcatgttg  | 3900 |
| attgtaaoga | tgacagagcg | ttgctgcctg  | tgatcaaata  | tcactctcct  | cgcagagata  | 3960 |

|             |             |             |            |             |            |      |
|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|------------|------|
| cgaattatca  | gccttcttat  | tcattttctcg | cttaaccgtg | acaggctgtc  | gatcttgaga | 4020 |
| actatgccga  | cataatagga  | aatcgctgga  | taaagccgct | gaggaagctg  | agtggcgcta | 4080 |
| tttctttaga  | agtgaacgtt  | gacgatcgtc  | gaccgtaccc | cgatgaatta  | attcggacgt | 4140 |
| acgttctgaa  | cacagctgga  | tacttacttg  | ggcgattgtc | atacatgaca  | tcaacaatgt | 4200 |
| acccgtttgt  | gtaaccgtct  | cttggagggtt | cgtatgacac | tagtggttcc  | cctcagcttg | 4260 |
| cgactagatg  | ttgaggccta  | acattttatt  | agagagcagg | ctagtgtgctt | agatacatga | 4320 |
| tcttcaggcc  | gttatctgtc  | agggcaagcg  | aaaattggcc | atttatgacg  | accaatgccc | 4380 |
| cgcagaagct  | cccatctttg  | cgcocataga  | cgcgcgcgcc | cccttttggg  | gtgtagaaca | 4440 |
| tccttttgcc  | agatgtggaa  | aagaagtctg  | ttgtcccatt | gttggcaatg  | acgtagtagc | 4500 |
| cggcgaaagt  | gcgagaccca  | tttgcgctat  | atataagcct | acgatttccg  | ttgcgactat | 4560 |
| tgctcgtaatt | ggatgaacta  | ttatcgtagt  | tgctctcaga | gttgtcgtaa  | tttgatggac | 4620 |
| tattgtcgta  | attgcttatg  | gagttgtcgt  | agttgcttgg | agaaatgtcg  | tagttggatg | 4680 |
| gggagtagtc  | ataggggaaga | cgagcttcat  | ccactaaaac | aattggcagg  | tcagcaagtg | 4740 |
| cctgccccga  | tgccatcgca  | agtaacgaggc | ttagaaccac | cttcaacaga  | tcgcgcatag | 4800 |
| tcttccccag  | ctctctaaag  | cttgagttaa  | gccgcgcgcg | gaagcggcgt  | cggcttgaac | 4860 |
| gaattgttag  | acattatttg  | cgcactacct  | tggtgatctc | gcctttcaag  | tagtgaacaa | 4920 |
| attcttccaa  | ctgatctgcg  | cgcgaggcca  | agcgatcttc | ttgtccaaga  | taagcctgcc | 4980 |
| tagcttcaag  | tatgacgggc  | tgatactggg  | ccggcaggcg | ctccattgcc  | cagtcggcag | 5040 |
| cgacatcctt  | cggcgcgatt  | ttgccgggta  | ctgcgctgta | ccaaatgcgg  | gacaacgtaa | 5100 |
| gcactacatt  | tcgctcatcg  | ccagcccagt  | cgggcggcga | gttccatagc  | gttaagggtt | 5160 |
| catttagcgc  | ctcaaataga  | tcctgttcag  | gaaccggatc | aaagagttcc  | tcgcgcgctg | 5220 |
| gacctaccaa  | ggcaacgcta  | tgttctcttg  | cttttgtcag | caagatagcc  | agatcaatgt | 5280 |
| cgatcggtgc  | tggtctgaag  | atacctgcaa  | gaatgtcatt | gcgctgccat  | tctccaaatt | 5340 |
| gcagttcgcg  | cttagctgga  | taacgccacg  | gaatgatgtc | gtcgtgcaca  | acaatggtga | 5400 |
| cttctacagc  | gcggagaatc  | tcgctctctc  | caggggaagc | cgaagtctcc  | aaaaggctcg | 5460 |
| tgatcaaagc  | tcgccgcgtt  | gtttcatcaa  | gccttacggg | caccgtaacc  | agcaaatcaa | 5520 |
| tatcaactgtg | tggttccagg  | ccgccatcca  | ctgoggagcc | gtacaaatgt  | acggccagca | 5580 |
| acgtcgggtc  | gagatggcgc  | tcgatgacgc  | caactacctc | tgatagttga  | gtcgatactt | 5640 |
| cggcgatcac  | cgttccctc   | atgatgttta  | actcctgaat | taagccgcgc  | cgcgaagcgg | 5700 |
| tgctcggttg  | aatgaattgt  | taggcgtcat  | cctgtgctcc | cgagaaccag  | taccagtaca | 5760 |
| tcgctgtttc  | gttcgagact  | tgagggtctag | ttttatacgt | gaacagggtca | atgccgcgca | 5820 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gagtaaagcc acattttgcg tacaaattgc aggcaggtac attgttcgtt tgtgtctcta  | 5880 |
| atcgtatgcc aaggagctgt ctgcttagtg cccacttttt cgcaaattcg atgagactgt  | 5940 |
| gcgcgactcc tttgcctcgg tgcgtgtgcg acacaacaat gtgttcgata gaggctagat  | 6000 |
| cgttccatgt tgagttgagt tcaatcttcc cgacaagctc ttggtcgatg aatgcgccat  | 6060 |
| agcaagcaga gtcttcatca gagtcatcat ccgagatgta atccttccgg taggggctca  | 6120 |
| cacttctggt agatagttca aagccttggg cggataggtg cacatcgaac acttcacgaa  | 6180 |
| caatgaaatg gttctcagca tccaatgttt ccgccacctg ctccaggatc accgaaatct  | 6240 |
| tcatatgaag cctaacgcct ggcacagcgg atcgcaaacc tggcgcggtt tttggcacia  | 6300 |
| aaggcgtgac aggtttgcca atccgttgct gccacttggt aacccttttg ccagatttgg  | 6360 |
| taactataat ttatgttaga ggcgaaagtct tgggtaaaaa ctggcctaaa attgctgggg | 6420 |
| atttcaggaa agtaaacatc accttccggc tcgatgtcta ttgtagatat atgtagtgt   | 6480 |
| tctacttgat cgggggatct gctgcctcgc gcgtttcggg gatgacggtg aaaacctctg  | 6540 |
| acacatgcag ctcccggaga cggtcacagc ttgtctgtaa gcggatgccg ggagcagaca  | 6600 |
| agcccgtcag ggcgcgtcag cgggtgttgg cgggtgtcgg ggcgcagcca tgaccagtc   | 6660 |
| acgtagcgat agcggagtgt atactggctt aactatgcgg catcagagca gattgtactg  | 6720 |
| agagtgcacc atatgcggtg tgaaataccg cacagatgcg taaggagaaa ataccgcac   | 6780 |
| aggcgtcttt ccgcttcttc gctcaactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga | 6840 |
| gcggtatcag ctcaactcaa ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca | 6900 |
| ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg  | 6960 |
| ctggcggtttt tccataggct ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt | 7020 |
| cagaggtggc gaaacccgac aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc  | 7080 |
| ctcgtgcgct ctctgttcc gacctgccc ottaccggat acctgtccc ctttctccct     | 7140 |
| tccggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgtgttaggt atctcagttc ggtgtaggtc  | 7200 |
| gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa cccccgttc agcccgaccg ctgcgcctta   | 7260 |
| tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca | 7320 |
| gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag  | 7380 |
| tgggtggccta actacggcta cactagaagg acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag | 7440 |
| ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaac caccgctggg   | 7500 |
| agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaagg atctcaagaa   | 7560 |
| gatcccttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg  | 7620 |
| attttggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tccttttaaa ttaaaaatga  | 7680 |
| agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggg ctgacagtta ccaatgctta  | 7740 |

|            |            |            |            |            |            |      |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| atcagtgagg | cacctatctc | agcgatctgt | ctatttctgt | catccatagt | tgctgactc  | 7800 |
| cccgctgtgt | agataactac | gatacgggag | ggcttaccat | ctggccccag | tgctgcaatg | 7860 |
| ataccgcgag | acccaogctc | accggctcca | gatttatcag | caataaacca | gccagccgga | 7920 |
| agggccgagc | gcagaagtgg | tcttgcaact | ttatccgctt | ccatccagtc | tattaattgt | 7980 |
| tgccgggaag | ctagagtaag | tagttcgcca | gttaatagtt | tgcgcaacgt | tgttgccatt | 8040 |
| gctgcagggg | gggggggggg | ggggttccat | tgttcattcc | acggacaaaa | acagagaaag | 8100 |
| gaaacgacag | aggccaaaaa | gctcgctttc | agcacctgtc | gtttcctttc | ttttcagagg | 8160 |
| gtattttaaa | taaaaacatt | aagttatgac | gaagaagaac | ggaaacgcct | taaaccggaa | 8220 |
| aattttcata | aatagcgaaa | accgcgaggg | tcgcccgcct | gtaacctgtc | ggatcacccg | 8280 |
| aaaggacccg | taaagtgata | atgattatca | tctacatata | acaacgtgcg | tggaggccat | 8340 |
| caaaccacgt | caaataatca | attatgacgc | aggtatcgta | ttaattgata | tgcatcaact | 8400 |
| taacgtaaaa | acaacttcag | acaatacaaa | tcagcgacac | tgaatacggg | gcaacctcat | 8460 |
| gtcccccccc | ccccccccct | gcaggcatcg | tggtgtcaag | ctcgctggtt | ggtatggctt | 8520 |
| cattcagctc | cggttcccaa | cgatcaaggc | gagttacatg | atcccccatg | ttgtgcaaaa | 8580 |
| aagcggtag  | ctccttcggg | cctccgacgc | ttgtcagaag | taagttggcc | gcagtgttat | 8640 |
| cactcatggt | tatggcagca | ctgcataatt | ctcttactgt | catgccatcc | gtaagatgct | 8700 |
| tttctgtgac | tggtgagtag | tcaaccaagt | cattctgaga | atagtgtatg | cggcgaccga | 8760 |
| gttgctcttg | cccgggctca | acacgggata | ataccgcgcc | acatagcaga | actttaaaag | 8820 |
| tgctcatcat | tggaaaacgt | tcttcggggc | gaaaactctc | aaggatctta | ccgctgttga | 8880 |
| gatccagttc | gatgtaacct | actcgtgcac | ccaactgata | ttcagcatct | tttactttca | 8940 |
| ccagcgtttc | tgggtgagca | aaaacaggaa | ggcaaaatgc | cgcaaaaaag | ggaataaggg | 9000 |
| cgacacggaa | atggtgaata | ctcatactct | tcctttttca | atattattga | agcatttatc | 9060 |
| agggttattg | tctcatgagc | ggatacatat | ttgaatgtat | ttagaaaaat | aaacaaatag | 9120 |
| gggttccgcg | cacatttccc | cgaaaagtgc | cacctgacgt | ctaagaaacc | attattatca | 9180 |
| tgacattaac | ctataaaaaa | aggcgtatca | cgaggccctt | tcgtcttcaa | gaattggctg | 9240 |
| acgatcttgc | tgcgttcgga | tattttcgtg | gagttccgcg | cacagacccg | gattgaaggc | 9300 |
| gagatccagc | aactcgcgcc | agatcatcct | gtgacggaac | tttggcgcg  | gatgactggc | 9360 |
| caggacgtcg | gccgaaagag | cgacaagcag | atcacgcctt | tcgacagcgt | cggatttgcg | 9420 |
| atcgaggatt | tttcggcgct | gcgctacgtc | cgcgaccgcg | ttgagggatc | aagccacagc | 9480 |
| agcccactcg | accttctagc | cgaccagac  | gagccaaggg | atcttttttg | aatgctgctc | 9540 |
| cgctcgtcag | ctttccgacg | tttgggtggt | tgaacagaag | tcattatcgc | acggaatgcc | 9600 |

|             |            |            |             |            |             |       |
|-------------|------------|------------|-------------|------------|-------------|-------|
| aagcactccc  | gaggggaacc | ctgtggttgg | catgcacata  | caaatggacg | aacggataaa  | 9660  |
| ccttttcacg  | cccttttaaa | tatccgatta | ttctaataaa  | cgctcttttc | tcttaggttt  | 9720  |
| acccgccaat  | atatcctgtc | aaacactgat | agtttaaaact | gaaggcggga | aacgacaacc  | 9780  |
| tgatcatgag  | cggagaatta | agggagtcac | gttatgaccc  | ccgccgatga | cgcgggacaa  | 9840  |
| gccgttttac  | gttttgaact | gacagaaccg | caacgttgaa  | ggagccactc | agcttaatta  | 9900  |
| agtctaactc  | gagttactgg | tacgtaccaa | atccatggaa  | tcaaggtacc | gtcgactcta  | 9960  |
| gtaacggccg  | ccagtgtgct | ggaattaatt | cggtttgtcg  | accacccaac | cccatatcga  | 10020 |
| cagaggatgt  | gaagaacagg | taaatcacgc | agaagaaccc  | atctctgata | gcagctatcg  | 10080 |
| attagaacaa  | cgaatccata | ttgggtccgt | gggaaatact  | tactgcacag | gaagggggcg  | 10140 |
| atctgacgag  | gccccgccac | cggcctcgac | ccgaggccga  | ggccgacgaa | gcgcggcgga  | 10200 |
| gtacggcgcc  | gcgccggcct | ctgcccggtc | cctctgcgcg  | tgggagggag | aggccgcggt  | 10260 |
| ggtgggggcg  | cgcgcgcgcg | cgcgcgcagc | tggtgcggcg  | gcgcgggggt | cagccgccga  | 10320 |
| gccgcggcg   | acggaggagc | aggcgggcgt | ggacgcgaac  | ttccgatcgg | ttggtcagag  | 10380 |
| tgcgcgagtt  | gggcttagcc | aattaggtct | caacaatcta  | ttgggccgta | aaattcatgg  | 10440 |
| gccctggttt  | gtctaggccc | aatatcccgt | tcatttcagc  | ccacaaatat | ttccccagag  | 10500 |
| gattattaag  | gcccacacgc | agcttatagc | agatcaagta  | cgatgtttcc | tgatcgttgg  | 10560 |
| atcggaacg   | tacggctctt | atcaggcatg | ccgacttcgt  | caaagagagg | cggcatgacc  | 10620 |
| tgacgcggag  | ttggttccgg | gcaccgtctg | gatggtcgta  | ccgggaccgg | acacgtgtcg  | 10680 |
| cgctccaac   | tacatggaca | cgtgtggtgc | tgccattggg  | ccgtacgcgt | ggcggtgacc  | 10740 |
| gcaccggatg  | ctgcctcgca | ccgccttgcc | cacgctttat  | atagagaggt | tttctctcca  | 10800 |
| ttaatcgcat  | agcgagtcga | atcgaccgaa | ggggaggggg  | agcgaagctt | tgcgttctct  | 10860 |
| aatcgccctg  | tcaaggtaac | taatcaatca | cctcgctcta  | atcctcgaat | ctctcggtgt  | 10920 |
| gcccgtctaa  | tctcgcgatt | ttgatgctcg | tggtggaaag  | cgtaggagga | tcccgtgcga  | 10980 |
| gttagtctca  | atctctcagg | gtttcgtgcg | attttaggggt | gatccacctc | ttaatcgagt  | 11040 |
| tacggtttcg  | tgcgatttta | gggtaatcct | cttaatctct  | cattgattta | gggtttcgtg  | 11100 |
| agaatcgagg  | tagggatctg | tgttatttat | atcgatctaa  | tagatggatt | ggttttgaga  | 11160 |
| ttgttctgtc  | agatggggat | tgtttcgata | tattacccta  | atgatgtgtc | agatggggat  | 11220 |
| tgtttcgata  | tattacccta | atgatgtgtc | agatggggat  | tgtttcgata | tattacccta  | 11280 |
| atgatggata  | ataagagtag | ttcacagtta | tgttttgatc  | ctgccacata | gtttgagttt  | 11340 |
| tgtgatcaga  | tttagtttta | cttattttgt | cttagttcgg  | atgggattgt | tctgatattg  | 11400 |
| ttccaataga  | tgaatagctc | gttaggttaa | aatcttttag  | ttgagtttag | cgacacatag  | 11460 |
| tttatttccct | ctggattttg | attggaattg | tgttcttagt  | ttttttcccc | tggattttgga | 11520 |

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| ttggaattgt gtggagctgg gttagagaat tacatctgta tcgtgtacac ctacttgaac  | 11580 |
| tgtagagctt gggttctaag gtcaatttaa tctgtattgt atctggctct ttgcctagtt  | 11640 |
| gaactgtagt gctgatgttg tactgtgttt ttttaccctg tttatttgct ttactcgtgc  | 11700 |
| aaatcaaata tgtcagatgc tagaactagg tggctttatt ctgtgttctt acatagatct  | 11760 |
| gttgctctgt agttacttat gtcagttttg ttattatctg aagatatttt tgggtgttgc  | 11820 |
| ttgttgatgt ggtgtgagct gtgagcagcg ctcttatgat taatgatgct gtccaattgt  | 11880 |
| agtgtagtat gatgtgattg atatgttcat ctattttgag ctgacagtac cgatatcgta  | 11940 |
| ggatctgggtg ccaacttatt ctccagctgc ttttttttac ctatgttaat tccaatcctt | 12000 |
| tcttgccctct tccagatcca gataatggcg aacaaacatt tgtccctctc cctcttcctc | 12060 |
| gtcctccttg gcctgtcggc cagcttggcc tccgggcaac aaacaagcat tactctgaca  | 12120 |
| tccaacgcat ccggtacgtt tgacggttac tattacgaac tctggaagga tactggcaat  | 12180 |
| acaacaatga cgggtctacac tcaaggctgc ttttctgccc agtggctgaa catcaataac | 12240 |
| gcgttggtta ggaccgggaa gaaatacaac cagaattggc agtctcttgg cacaatccgg  | 12300 |
| atcacgtact ctgcgaacta caacccaaac gggaactcct acttgtgtat ctatggctgg  | 12360 |
| tctaccaacc cattgggtcga gttctacatc gttgagtcct gggggaactg gagaccgcct | 12420 |
| ggtgccacgt ccctgggcca agtgacaatc gatggcgagg cctacgacat ctataggacg  | 12480 |
| acacgcgtca accagccttc cattgtgggg acagccacgt tcgatcagta ctggagcgtg  | 12540 |
| cgcacctcta agcggacttc aggaacagtg accgtgaccg atcacttccg cgcctggcg   | 12600 |
| aaccggggcc tgaacctcgg cacaatagac caaattacat tgtgcgtgga gggttaccaa  | 12660 |
| agctctggat cagccaacat caccagaac accttctctc agggctcttc ttccggcagt   | 12720 |
| tccgggtggct catccggctc cacaacgact actcgcatcg agtgtgagaa catgtccttg | 12780 |
| tccggaccct acgttagcag gatcaccaat ccccttaatg gtattgcgct gtacgccaac  | 12840 |
| ggagacacag cccgcgctac cgttaacttc cccgcaagtc gcaactaaa tttccgcctg   | 12900 |
| cgggggttgcg gcaacaacaa taatcttgcc cgtgtggacc tgaggatcga cggacggacc | 12960 |
| gtcgggacct tttattacca gggcacatac ccctgggagg cccaattga caatgtttat   | 13020 |
| gtcagtgcgg ggagtcatac agtcgaaatc actgttactg cggataacgg cacatgggac  | 13080 |
| gtgtatgccg actacctggg gatacagtga cctaggtccc cgaatttccc cgatcgttca  | 13140 |
| aacatttggc aataaagttt cttaagattg aatcctgttg ccggtcttgc gatgattatc  | 13200 |
| atataatttc tgttgaatta cgttaagcat gtaataatta acatgtaatg catgacgtta  | 13260 |
| tttatgagat gggtttttat gattagagtc ccgcaattat acatttaata cgcgatagaa  | 13320 |
| aacaaaatat agcgcgcaaa ctaggataaa ttatcgcgcg ccgtgtcatc tatgttacta  | 13380 |
| gatcgggaat tgg                                                     | 13393 |

<210> 58  
 <211> 14662  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

5

<220>  
 <223> Construcción sintética, pAG2029

<400> 58

10

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| aattcatact aaagcttgca tgccctgcagg tcgactctag taacggccgc cagtgtgctg  | 60   |
| gaattaattc ggcttgctga ccaccaacc ccatatcgac agaggatgtg aagaacaggt    | 120  |
| aaatcacgca gaagaaccca totctgatag cagctatcga ttagaacaac gaatccatat   | 180  |
| tgggtccgtg ggaaatactt actgcacagg aagggggcga tctgacgagg ccccgccacc   | 240  |
| ggcctcgacc cgaggccgag gccgacgaag cgcggcgag tacggcgccg cggcggcctc    | 300  |
| tgcccgctgc ctctgcgcgt gggagggaga ggccgcggtg gtgggggcgc gcgcgcgcgc   | 360  |
| gcgcgcagct ggtgcggcgg cgcgggggtc agccgcgag cggcgggcga cggaggagca    | 420  |
| ggcgggcgtg gacgcgaact tccgatcggg tggtcagagt gcgcgagttg ggcttagcca   | 480  |
| attaggtctc aacaatctat tgggcccgtaa aattcatggg ccctggtttg tctaggccca  | 540  |
| atatcccgtt catttcagcc cacaaatatt tcccagagg attattaagg cccacacgca    | 600  |
| gcttatagca gatcaagtac gatgtttcct gatcgttggg tcggaaacgt acggtcttga   | 660  |
| tcaggcatgc cgacttcgtc aaagagaggc ggcatgacct gacgcggagt tggttccggg   | 720  |
| caccgtctgg atggtcgtac cgggaccgga cacgtgtcgc gcctccaact acatggacac   | 780  |
| gtgtggtgct gccattgggc cgtacgcgtg gcggtgaccg caccggatgc tgccctgcac   | 840  |
| cgccttgccc acgctttata tagagagggt ttctctccat taatcgcata gcgagtcgaa   | 900  |
| tcgaccgaag gggaggggga gcgaagcttt gcgttctcta atcgctcgt caaggtaact    | 960  |
| aatcaatcac ctgcctctaa tcctcgaatc tctcgtggtg cccgtctaata ctgcgcgattt | 1020 |
| tgatgctcgt ggtggaaagc gtaggaggat cccgtgcgag ttagtctcaa tctctcaggg   | 1080 |
| tttcgtgcga ttttagggtg atccacctct taatcgagtt acggtttcgt gcgattttag   | 1140 |
| ggtaatcctc ttaatctctc attgatttag ggtttcgtga gaatcgaggt agggatctgt   | 1200 |
| gttattttata tcgatctaat agatggattg gttttgagat tgttctgtca gatggggatt  | 1260 |
| gtttcgatat attaccctaa tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatat attaccctaa   | 1320 |
| tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatat attaccctaa tgatggataa taagagtagt   | 1380 |
| tcacagttat gttttgatcc tgccacatag tttgagtttt gtgatcagat ttagttttac   | 1440 |
| ttattttgtgc ttagttcgga tgggattgtt ctgatattgt tccaatagat gaatagctcg  | 1500 |
| ttaggttaaa atcttttaggt tgagttaggc gacacatagt ttatttcctc tggatttgga  | 1560 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ttggaattgt gttcttagtt tttttccctt ggatttggat tgggaattgtg tggagctggg | 1620 |
| ttagagaatt acatctgtat cgtgtacacc tacttgaact gtagagcttg ggttctaagg  | 1680 |
| tcaatttaat ctgtattgta tctggctctt tgcctagttg aactgtagtg ctgatgttgt  | 1740 |
| actgtgtttt tttaccggtt ttatttgctt tactcgtgca aatcaaactc gtcagatgct  | 1800 |
| agaactaggt ggctttattc tgtgttctta catagatctg ttgtcctgta gttacttatg  | 1860 |
| tcagttttgt tattatctga agatattttt ggttggtgct tgttgatgtg gtgtgagctg  | 1920 |
| tgagcagcgc tcttatgatt aatgatgctg tccaattgta gtgtagtatg atgtgattga  | 1980 |
| tatgttcac c tttttgagc tgacagtacc gatatcgtag gatctggtgc caacttattc  | 2040 |
| tccagctgct tttttttacc tatgttaatt ccaatccttt cttgcctctt ccagatccag  | 2100 |
| ataatgcaga aactcattaa ctcagtgcaa aactatgctt ggggcagcaa aacggcgttg  | 2160 |
| actgaacttt atggtatgga aaatccgtcc agccagccga tggccgagct gtggatgggc  | 2220 |
| gcacatccga aaagcagttc acgagtgcag aatgcgcgcg gagatatcgt ttcactgctt  | 2280 |
| gatgtgattg agagtgataa atcgactctg ctcggagagg ccgttgccaa acgctttggc  | 2340 |
| gaactgcctt tctgttcaa agtattatgc gcagcacagc cactctccat tcaggttcat   | 2400 |
| ccaaacaaac acaattctga aatcggtttt gccaaagaaa atgcgcgagc tatcccgatg  | 2460 |
| gatgcgcgcg agcgttaacta taaagatcct aaccacaagc cggagctggt ttttgcgctg | 2520 |
| acgcctttcc ttgcgatgaa cgcgtttcgt gaattttccg agattgtctc cctactccag  | 2580 |
| ccggtcgcag gtgcacatcc ggcgattgct cactttttac aacagcctga tgccgaacgt  | 2640 |
| ttaagcgaac tgttcgccag cctggtgaat atgcaggggtg aagaaaaatc ccgcgcgctg | 2700 |
| gcgattttaa aatcggccct cgatagccag caggggtgaac cgtggcaaac gattcgttta | 2760 |
| atttctgaat tttaccgga agacagcggc ctgttctccc cgctattgct gaatgtggtg   | 2820 |
| aaattgaacc ctggcgaagc gatgttcctg ttcgctgaaa caccgcacgc ttacctgcaa  | 2880 |
| ggcgtggcgc tggaagtgat ggcaaactcc gataacgtgc tgcgtgcggg tctgacgcct  | 2940 |
| aaatacattg atattccgga actggttgcc aatgtgaaat tcgaagccaa accggctaac  | 3000 |
| cagttgttga cccagccggt gaaacaaggt gcagaactgg acttcccgat tccagtggat  | 3060 |
| gattttgcct tctcgtgca tgaccttagt gataaagaaa ccaccattag ccagcagagt   | 3120 |
| gccgccattt tgttctgcgt cgaaggcgat gcaacgttgt ggaaagggtc tcagcagtta  | 3180 |
| cagcttaaac cgggtgaatc agcgtttatt gccgccaacg aatcacgggt gactgtcaaa  | 3240 |
| ggccaaggcc gtttagcgcg tgtttacaac aagctgtaag agcttactga aaaaattaac  | 3300 |
| atctcttgct aagctgggag ctctagatcc ccgaatttcc ccgatcgttc aaacatttgg  | 3360 |
| caataaagtt tcttaagatt gaatcctgtt gccggtcttg cgatgattat catataattt  | 3420 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ctgttgaatt acgttaagca tgtaataatt aacatgtaat gcatgacgtt atttatgaga  | 3480 |
| tgggttttta tgattagagt cccgcaatta tacatttaac acgcgataga aaacaaaata  | 3540 |
| tagcgcgcaa actaggataa attatcgcg cgggtgtcat ctatgttact agatcgggaa   | 3600 |
| ttggcgagct cgaattaatt cagtacatta aaaacgtccg caatgtgtta ttaagttgtc  | 3660 |
| taagcgtcaa tttgtttaca ccacaatata tcctgccacc agccagccaa cagctccccg  | 3720 |
| accggcagct cggcacaaaa tcaccactcg atacaggcag cccatcagtc cgggacggcg  | 3780 |
| tcagcgggag agccgttgta aggcggcaga ctttgcctcat gttaccgatg ctattcggaa | 3840 |
| gaacggcaac taagctgccg ggtttgaaac acggatgac tcgcggaggg tagcatgttg   | 3900 |
| attgtaacga tgacagagcg ttgctgctg tgatcaaata tcctctccct cgcagagatc   | 3960 |
| cgaattatca gccttcttat tcattttctg cttaacgtg acaggctgtc gatcttgaga   | 4020 |
| actatgccga cataatagga aatcgctgga taaagccgt gaggaagctg agtggcgcta   | 4080 |
| tttctttaga agtgaacgtt gacgatcgtc gaccgtacc ccatgaatta attcggacgt   | 4140 |
| acgttctgaa cacagctgga tacttacttg ggcgattgtc atacatgaca tcaacaatgt  | 4200 |
| accggtttgt gtaaccgtct cttggagggt cgtatgacac tagtggttcc cctcagcttg  | 4260 |
| cgactagatg ttgaggccta acattttatt agagagcagg ctagtgtctt agatacatga  | 4320 |
| tcttcaggcc gttatctgtc agggcaagcg aaaattggcc atttatgacg accaatgccc  | 4380 |
| cgcagaagct cccatctttg ccgccataga cgcgcgcgcc ccccttttggg gtgtagaaca | 4440 |
| tccttttgcc agatgtggaa aagaagttcg ttgtccatt gttggcaatg acgtagtagc   | 4500 |
| cggcgaaagt gcgagacca tttgcgctat atataagcct acgatttccg ttgcgactat   | 4560 |
| tgtcgttaatt ggatgaacta ttatcgtagt tgctctcaga gttgtcgtaa tttgatggac | 4620 |
| tattgtcgta attgcttatg gagttgtcgt agttgcttg agaaatgtcg tagttggatg   | 4680 |
| gggagtagtc atagggaaga cgagcttcat ccactaaaac aattggcagg tcagcaagtg  | 4740 |
| cctgccccga tgccatcgca agtacgaggc ttagaaccac cttcaacaga tcgcgcatag  | 4800 |
| tcttccccag ctctctaacg cttgagttaa gccgcgcgcg gaagcggcgt cggcttgaac  | 4860 |
| gaattgttag acattatttg ccgactacct tggatgctc gcctttcacg tagtgaacaa   | 4920 |
| attcttccaa ctgatctgcg cgcgaggcca agcgatcttc ttgtccaaga taagcctgcc  | 4980 |
| tagcttcaag tatgacgggc tgatactggg ccggcaggcg ctccattgcc cagtcggcag  | 5040 |
| cgacatcctt cggcgcgatt ttgccggtta ctgcgctgta ccaaatgcgg gacaacgtaa  | 5100 |
| gcactacatt tcgctcatcg ccagcccagt cgggcggcga gttccatagc gtttaaggttt | 5160 |
| catttagcgc ctcaaataga tcctgttcag gaaccggatc aaagagttcc tccgcgctg   | 5220 |
| gacctaccaa ggcaacgcta tgttctcttg cttttgtcag caagatagcc agatcaatgt  | 5280 |
| cgatcgtggc tggctcgaag atacctgcaa gaatgtcatt gcgctgccat tctccaaatt  | 5340 |

gcagttcgcg cttagctgga taacgccacg gaatgatgtc gtcgtgcaca acaatggtga 5400  
 cttctacagc gcggagaatc tcgctctctc caggggaagc cgaagtttcc aaaaggtoct 5460  
 tgatcaaagc tcgccgcgtt gtttcatcaa gccttacggt caccgtaacc agcaaatcaa 5520  
 tatcactgtg tggcttcagg ccgccatcca ctgcggagcc gtacaaatgt acggccagca 5580  
 acgtcggttc gagatggcgc tcgatgacgc caactacctc tgatagttga gtcgatactt 5640  
 cggcgatcac cgcttccctc atgatgttta actcctgaat taagccgcgc cgcgaagcgg 5700  
 tgtcggcctt aatgaattgt taggcgtcat cctgtgctcc cgagaaccag taccagtaca 5760  
 tcgctgtttc gttcgagact tgaggtctag ttttatacgt gaacaggcca atgccgcga 5820  
 gagtaaagcc acattttgcg taaaaattgc aggcaggtag attgttcgtt tgtgtctcta 5880  
 atcgtatgcc aaggagctgt ctgcttagtg cccacttttt cgcaaattcg atgagactgt 5940  
 gcgcgactcc tttgcctcgg tgcgtgtgcg acacaacaat gtgttcgata gaggctagat 6000  
 cgttccatgt tgagttgagt tcaatcttcc cgacaagctc ttggtcgatg aatgcgccat 6060  
 agcaagcaga gtcttcatca gagtcatcat ccgagatgta atccttccgg taggggctca 6120  
 cacttctggt agatagttca aagccttggt cggatagggt cacatcgaac acttcacgaa 6180  
 caatgaaatg gttctcagca tccaatgttt ccgccacctg ctcagggatc accgaaatct 6240  
 tcatatgacg cctaacgcct ggcacagcgg atcgcaaacc tggcgcggtt tttggcacia 6300  
 aaggcgtgac aggtttgcca atccgttgct gccacttggt aacccttttg ccagatttgg 6360  
 taactataat ttatgttaga ggcgaagtct tgggtaaaaa ctggcctaaa attgctgggg 6420  
 atttcaggaa agtaaacatc accttccggc tcgatgtcta ttgtagatat atgtagtga 6480  
 tctacttgat cgggggatct gctgcctcgc gcgtttcggg gatgacgggtg aaaacctctg 6540  
 acacatgcag ctcccgga ga cggtcacagc ttgtctgtaa gcggatgccg ggagcagaca 6600  
 agcccgtcag ggcgcgtcag cgggtgttg cgggtgtcgg ggcgcagcca tgaccagtc 6660  
 acgtagcgat agcggagtgt atactggctt aactatgcgg catcagagca gattgtactg 6720  
 agagtgcacc atatgcgggtg tgaaataccg cacagatgcg taaggagaaa ataccgcac 6780  
 aggcgtcttt ccgttctctc gctcactgac tcgctgcgct cggtcggtcg gctgcggcga 6840  
 gcggtatcag ctcaactcaa ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca 6900  
 ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg 6960  
 ctggcgtttt tccataggct ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt 7020  
 cagaggtggc gaaacccgac aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc 7080  
 ctctgctgct ctctgttcc gacctgcgc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct 7140  
 tcgggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc 7200

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa ccccccgctc agcccgaccg ctgcgcctta  | 7260 |
| tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca | 7320 |
| gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag  | 7380 |
| tgggtggccta actacggcta cactagaagg acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag | 7440 |
| ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggt  | 7500 |
| agcgggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaagg atctcaagaa  | 7560 |
| gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtga acgaaaactc acgttaaggg   | 7620 |
| attttggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tcctttttaa ttaaaaatga  | 7680 |
| agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggc ctgacagtta ccaatgctta  | 7740 |
| atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcggt catccatagt tgccctgactc | 7800 |
| cccgctcgtg agataactac gatacgggag ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg  | 7860 |
| ataccgcgag acccacgctc accggctcca gatttatcag caataaacca gccagccgga  | 7920 |
| agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact ttatccgcct ccatccagtc tattaattgt  | 7980 |
| tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt  | 8040 |
| gctgcagggg gggggggggg ggggttccat tgttcattcc acggacaaaa acagagaaaag | 8100 |
| gaaacgacag aggccaaaaa gctcgctttc agcacctgtc gtttcctttc ttttcagagg  | 8160 |
| gtatttttaa taaaaacatt aagttatgac gaagaagaac ggaaacgcct taaaccggaa  | 8220 |
| aattttcata aatagcgaaa acccgcgagg tcgccgcccc gtaacctgtc ggatcaccgg  | 8280 |
| aaaggacccg taaagtgata atgattatca tctacatata acaacgtgcg tggaggccat  | 8340 |
| caaaccacgt caaataatca attatgacgc aggtatcgta ttaattgata tgcatcaact  | 8400 |
| taacgtaaaa acaacttcag acaatacaaa tcagcgacac tgaatacggg gcaacctcat  | 8460 |
| gtcccccccc cccccccctc gcaggcatcg tgggtgcacg ctcgctggtt ggtatggctt  | 8520 |
| cattcagctc cggttcccaa cgatcaaggc gagttacatg atcccccatg ttgtgcaaaa  | 8580 |
| aagcggtagt ctcttcgggt cctccgatcg ttgtcagaag taagttggcc gcagtgttat  | 8640 |
| cactcatggt tatggcagca ctgcataatt ctcttactgt catgccatcc gtaagatgct  | 8700 |
| tttctgtgac tggtgagtac tcaaccaagt cattctgaga atagtgtatg cggcgaccga  | 8760 |
| gttgctcttg cccggcgta acacgggata ataccgcgcc acatagcaga actttaaaag   | 8820 |
| tgctcatcat tggaacacgt tcttcggggc gaaaactctc aaggatotta ccgctgttga  | 8880 |
| gatccagttc gatgtaaccc actcgtgcac ccaactgata ttcagcatct tttactttca  | 8940 |
| ccagcgtttc tgggtgagca aaaacaggaa ggcaaaatgc cgcaaaaaag ggaataaggg  | 9000 |
| cgacacggaa atgttgaata ctcatactct tcctttttca atattattga agcatttatc  | 9060 |
| agggttattg tctcatgagc ggatacatat ttgaatgtat ttagaaaaat aaacaaatag  | 9120 |

|             |            |            |             |             |             |       |
|-------------|------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------|
| gggttccg    | cacatttccc | cgaaaagtgc | cacctgacgt  | ctaagaaacc  | attattatca  | 9180  |
| tgacattaac  | ctataaaaat | aggcgtatca | cgaggccctt  | tcgtcttcaa  | gaattggtcg  | 9240  |
| acgatcttgc  | tgcgttcggg | tattttcgtg | gagttccgcg  | cacagaccgc  | gattgaaggg  | 9300  |
| gagatccagc  | aactcgcgcc | agatcatcct | gtgacgggaa  | tttggcgcgt  | gatgactggc  | 9360  |
| caggacgtcg  | gccgaaagag | cgacaagcag | atcacgcctt  | tcgacagcgt  | cggatttgcg  | 9420  |
| atcgaggatt  | tttcggcgct | gcgctacgtc | cgcgaccgcg  | ttgagggatc  | aagccacagc  | 9480  |
| agcccactcg  | accttctagc | cgaccagac  | gagccaaggg  | atcttttttg  | aatgctgctc  | 9540  |
| cgtcgtcagg  | ctttccgacg | tttgggtggt | tgaacagaag  | tcattatcgc  | acggaatgcc  | 9600  |
| aagcactccc  | gaggggaacc | ctgtggttgg | catgcacata  | caaattggacg | aacggataaa  | 9660  |
| cccttttcaag | ccctttttaa | tatccgatta | ttctaataaa  | cgtctttttc  | tcttaggttt  | 9720  |
| acccgccaat  | atatcctgtc | aaacactgat | agtttaaaact | gaaggcggga  | aacgacaacc  | 9780  |
| tgatcatgag  | cggagaatta | agggagtcac | gttatgaccc  | ccgccgatga  | cgcgggacaa  | 9840  |
| gccgtttttac | gtttggaact | gacagaaccg | caacgttgaa  | ggagccactc  | agcttaatta  | 9900  |
| agtctaactc  | gagttactgg | tacgtaccaa | atccatggaa  | tcaaggtacc  | gtcgactcta  | 9960  |
| gtaacggccg  | ccagtgtgct | ggaattaatt | cggcttgtcg  | accacccaac  | cccatatcga  | 10020 |
| cagaggatgt  | gaagaacag  | taaatcacgc | agaagaaccc  | atctctgata  | gcagctatcg  | 10080 |
| attagaacaa  | cgaatccata | ttgggtccgt | gggaaatact  | tactgcacag  | gaagggggcg  | 10140 |
| atctgacgag  | gccccgccac | cggcctcgac | ccgaggccga  | ggccgacgaa  | gcgccggcga  | 10200 |
| gtacggcgcc  | gcggcgccct | ctgcccgctc | cctctgcgcg  | tgggagggag  | aggccgcggg  | 10260 |
| ggtggggggcg | cgcgcgcgcg | cgcgcgcagc | tgggtgcggcg | gcgcgggggt  | cagccgcgca  | 10320 |
| gccggcgcg   | acggaggagc | aggcgggcgt | ggacgcgaac  | ttccgatcgg  | ttggtcagag  | 10380 |
| tgcgcgagtt  | gggcttagcc | aattaggtct | caacaatcta  | ttgggccgta  | aaattcatgg  | 10440 |
| gccctgggtt  | gtctaggccc | aatatcccg  | tcatttcagc  | ccacaaatat  | ttcccagag   | 10500 |
| gattattaag  | gcccacacgc | agcttatagc | agatcaagta  | cgatgtttcc  | tgatcgttgg  | 10560 |
| atcggaacg   | tacggtcttg | atcaggcatg | ccgacttcgt  | caaagagagg  | cggcatgacc  | 10620 |
| tgacgcggag  | ttggttccgg | gcaccgtctg | gatggtcgta  | ccgggaccgg  | acacgtgtcg  | 10680 |
| cgcctccaac  | tacatggaca | cgtgtggtgc | tgccattggg  | ccgtacgcgt  | ggcgggtgacc | 10740 |
| gcaccggatg  | ctgcctcgca | ccgccttgcc | cacgctttat  | atagagaggt  | tttctctcca  | 10800 |
| ttaatcgcat  | agcgagtcga | atcgaccgaa | ggggaggggg  | agcgaagctt  | tgcgttctct  | 10860 |
| aatcgccctg  | tcaaggtaac | taatcaatca | cctcgctcta  | atcctcgaat  | ctctcggtgt  | 10920 |
| gcccgtctaa  | tctcgcgatt | ttgatgctcg | tgggtgaaag  | cgtaggagga  | tcccgtgcga  | 10980 |

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| gttagtctca atctctcagg gtttcgtgcg attttagggg gatccacctc ttaatcgagt  | 11040 |
| tacggtttcg tgcgatttta gggtaatcct cttaatctct cattgattta gggtttcgtg  | 11100 |
| agaatcgagg tagggatctg tgttatttat atogatctaa tagatggatt ggttttgaga  | 11160 |
| ttgttctgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat  | 11220 |
| tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta  | 11280 |
| atgatggata ataagagtag ttcacagtta tgttttgatc ctgccacata gtttgagttt  | 11340 |
| tgtgatcaga tttagtttta ctattttgtg cttagtccgg atgggattgt tctgatattg  | 11400 |
| ttccaataga tgaatagctc gttagggtta aatctttagg ttgagttagg cgacacatag  | 11460 |
| tttatttccct ctggatttgg attggaattg tgttcttagt ttttttcccc tggatttggg | 11520 |
| ttggaattgt gtggagctgg gttagagaat tacatctgta tcgtgtacac ctacttgaac  | 11580 |
| tgtagagctt gggttctaag gtcaatttaa tctgtattgt atctggctct ttgcctagtt  | 11640 |
| gaactgtagt gctgatgttg tactgtgttt ttttaccgt tttatttgc tttactcgtgc   | 11700 |
| aatcaaatc tgtcagatgc tagaactagg tggttttatt ctgtgttctt acatagatct   | 11760 |
| gttgcctgt agttacttat gtcagttttg ttattatctg aagatatttt tggttgttgc   | 11820 |
| ttgttgatgt ggtgtgagct gtgagcagcg ctcttatgat taatgatgct gtccaattgt  | 11880 |
| agtgtagtat gatgtgattg atatgttcat ctattttgag ctgacagtac cgatctgta   | 11940 |
| ggatctggtg ccaacttatt ctccagctgc ttttttttac ctatgttaat tccaatcctt  | 12000 |
| tcttgccctc tccagatcca gataatggcg aacaaacatt tgtccctctc cctcttctc   | 12060 |
| gtctctcttg gctgtcggc cagcttggcc tccgggcaac aaacaagcat tactctgaca   | 12120 |
| tccaacgcac ccggtacgtt tgacggttac tattacgaac tctggaagga tactggcaat  | 12180 |
| acaacaatga cggctctacac tcaaggctgc ttttctgccc agtggtcgaa catcaataac | 12240 |
| gcgttgttta ggaccgggaa gaaatacaac cagaattggc agtctcttgg cacaatccgg  | 12300 |
| atcacgtact ctgcgactta caacccaaac gggaactcct acttgtgtat ctatggctgg  | 12360 |
| tctaccaaac cattggctga gttctacatc gttgagtcct gggggaactg gagaccgct   | 12420 |
| ggtgcctgcc tggccgaggg ctgcctcgtc ttggacgcgg ctaccgggca gagggctcct  | 12480 |
| atcgaaaagg tgcgtccggg gatggaagt ttctccttgg gacctgatta cagactgtat   | 12540 |
| cggtgcccgg ttttggaggt ccttgagagc ggggttaggg aagttgtgcg cctcagaact  | 12600 |
| cggtcagggg gaacgctggt gttgacacca gatcaccgc ttttgacccc cgaagggttg   | 12660 |
| aaacctcttt gtgacctccc gcttggaact ccaattgcag tccccgcaga actgcctgtg  | 12720 |
| gcgggccact tggccccacc tgaagaacgt gttacgctcc tggctcttct gttgggggat  | 12780 |
| gggaacacaa agctgtcggg tcggagaggt acacgtccta atgcctcctt ctacagcaaa  | 12840 |
| gaccccgaa tgcctgcggc ttatcgccgg tgtgcagaag ccttgggtgc aaagtgaaa    | 12900 |

|             |            |            |            |            |            |       |
|-------------|------------|------------|------------|------------|------------|-------|
| gcatacgtcc  | accogactac | gggggtggtt | acactcgcaa | ccctogctcc | acgtcctgga | 12960 |
| gctcaagatc  | ctgtcaaacg | cctcgttgtc | gaggcgggaa | tggttgctaa | agcogaagag | 13020 |
| aagaggggtcc | cggaggaggt | gtttcgttac | cggcgtgagg | cgttgccctt | tttcttgggc | 13080 |
| cgtttgttct  | cgacagacgg | ctctgttgaa | aagaagagga | tctcttattc | aagtgccagt | 13140 |
| ttgggactgg  | cccaggatgt | cgcacatctc | ttgctgcgcc | ttggaattag | atctcaactc | 13200 |
| cgttcgagag  | ggccacgggc | tcacgaggtt | cttatatcgg | gccgcgagga | tattttgcga | 13260 |
| tttgctgaac  | ttatcggacc | ctacctcttg | ggggccaaga | gggagagact | tgacgcgctg | 13320 |
| gaagctgagg  | ccgcgaggcg | tttgctgga  | cagggatggc | acttgccgct | tgttcttctt | 13380 |
| gccgtggcgt  | acagagtggg | cgaggctaaa | aggcgcctcg | gattttcgtg | gagtgaagcc | 13440 |
| ggtcggcgcg  | tcgcagttgc | gggatcgtgt | ttgtcatctg | gactcaacct | caaattgccc | 13500 |
| agaogctacc  | tttctcggca | ccggttgctg | ctgctcgggt | aggcttttgc | cgaccctggg | 13560 |
| ctggaagcgc  | tcgcggaagg | ccaagtgtct | tgggacccta | ttgttgctgt | cgaaccggcc | 13620 |
| ggtaaggcga  | gaacattoga | cttgccggtt | ccaccctttg | caaacttcgt | gagcgaggac | 13680 |
| ctggtggtgc  | ataaacgctc | cctgggocaa | gtgacaatcg | atggcgggac | ctacgacatc | 13740 |
| tataggacga  | cacgcgtcaa | ccagoccttc | attgtgggga | cagccacggt | cgatcagtac | 13800 |
| tggagcgtgc  | gcacctctaa | gcggacttca | ggaacagtga | ccgtgaccga | tcacttccgc | 13860 |
| gcctggggcga | accggggcct | gaacctcggc | acaatagacc | aaattacatt | gtgcgtggag | 13920 |
| ggttacaaaa  | gctctggatc | agccaacatc | accagaaca  | ccttctctca | gggctcttct | 13980 |
| tcgggcagtt  | cgggtggctc | atccggtctc | acaacgacta | ctcgcacatc | gtgtgagaac | 14040 |
| atgtccttgt  | cgggacccta | cgtagcagg  | atcaccaatc | cctttaatgg | tattgcgctg | 14100 |
| tacgccaacg  | gagacacagc | ccgcgctacc | gttaacttcc | ccgcaagtgc | caactacaat | 14160 |
| ttccgcctgc  | ggggttgccg | caacaacaat | aatcttgccc | gtgtggacct | gaggatcgac | 14220 |
| ggacggaccg  | tcgggacctt | ttattaccag | ggcacatacc | cctgggaggc | cccaattgac | 14280 |
| aatgtttatg  | tcagtgcggg | gagtcataca | gtcgaaatca | ctgttactgc | ggataacggc | 14340 |
| acatgggacg  | tgtatgcoga | ctacctggtg | atacagtgc  | ctaggtcccc | gaatttcccc | 14400 |
| gatcgttcaa  | acatttgcca | ataaagtttc | ttaagattga | atcctgttgc | cggctcttgc | 14460 |
| atgattatca  | tataatttct | gttgaattac | gttaagcatg | taataattaa | catgtaatgc | 14520 |
| atgacgttat  | ttatgagatg | ggtttttatg | attagagtcc | cgcaattata | catttaatac | 14580 |
| gcgatagaaa  | acaaaatata | gcgcgcaaac | taggataaat | tatcgcgcgc | ggtgtcatct | 14640 |
| atgttactag  | atcgggaatt | gg         |            |            |            | 14662 |

<210> 59  
 <211> 2286  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, P77T134-100-101 Secuencia de nucleótidos

<400> 59

5

|             |            |             |             |            |            |      |
|-------------|------------|-------------|-------------|------------|------------|------|
| atgcaaacia  | gcattactct | gacatccaac  | gcataccgga  | cgtttgacgg | ttactattac | 60   |
| gaactctgga  | aggatactgg | caatacaaca  | atgacgggtct | acactcaagg | tcgcttttcc | 120  |
| tgccagtggg  | cgaacatcaa | taacgcgttg  | tttaggaccg  | ggaagaaata | caaccagaat | 180  |
| tggcagtctc  | ttggcacaat | ccggatcacg  | tactctgcga  | cttacaaccc | aaacgggaac | 240  |
| tcctacttgg  | gtatctatgg | ctgggtctacc | aaccatttgg  | tcgagttcta | catcggtgag | 300  |
| tcctggggga  | actggagacc | gcctgggtgc  | tgccctggccg | agggctcgct | cgtcttggac | 360  |
| gcggctaccg  | ggcagagggg | ccctatcgaa  | aagggtgcgtc | cggggatgga | agttttctcc | 420  |
| ttgggacctg  | attacagact | gtatcggttg  | cccgttttgg  | aggtccttga | gagcgggggt | 480  |
| agggaggttg  | tgccgctcag | aactcggtca  | gggagaacgc  | tggtgttgac | accagatcac | 540  |
| ccgcttttga  | ccccgaagg  | ttggaaacct  | ctttgtgacc  | tcccgttgg  | aactccaatt | 600  |
| gcagtccccg  | cagaactgcc | tgtggcgggc  | cacttggtccc | cacctgaaga | acgtgttacg | 660  |
| ctcctggctc  | ttctgttggg | ggatgggaac  | acaaagctgt  | cgggtcggag | aggtacacgt | 720  |
| cctaattgct  | tcttctacag | caaaaacccc  | gaattgctcg  | cggcttatcg | ccggtgtgca | 780  |
| gaagccttgg  | gtgcaaagg  | gaaagcatat  | gtccacccga  | ctacgggggt | ggttacactc | 840  |
| gcaaccctcg  | ctccacgtcc | tggagctcaa  | gatcctgtca  | aacgcctcgt | tgtcgaggcg | 900  |
| ggaatggttg  | ctaaagccga | agagaagagg  | gtcccggagg  | aggtgtttcg | ttaccggcgt | 960  |
| gaggcgttgg  | cccttttctt | gggccgtttg  | ttctcgacag  | acggctctgt | tgaaaagaag | 1020 |
| aggatctctt  | attcaagtgc | cagtttggtg  | ctggcccagg  | atgtcgacac | tctcttgcgt | 1080 |
| cgccttggaa  | ttacatctca | actccgttcg  | agagggccac  | gggctcacga | ggttcttata | 1140 |
| tcggggcccg  | aggatatatt | gcggtttgct  | gaacttatcg  | gacctacct  | cttggggggc | 1200 |
| aagagggaga  | gacttgacgc | gctggaagct  | gagggccgca  | ggcgtttgct | tggacaggga | 1260 |
| tggcacttgc  | ggcttgttct | tcctgccgtg  | gcgtacagag  | tgggcgaggc | ggaaaggcgc | 1320 |
| tcgggatttt  | cgtggagtga | agccggtcgg  | cgcgtcgacg  | ttgcgggatc | gtgtttgtca | 1380 |
| tctggactca  | acctcaaatt | gcccagacgc  | tacctttctc  | ggcaccggtt | gtcgctgctc | 1440 |
| ggtgaggctt  | ttgccgacct | tgggctggaa  | gcgctcgccg  | aaggccaagt | gctctgggac | 1500 |
| cctattgttg  | ctgtcgaaac | ggccggttaag | gcgagaacat  | tcgacttgcg | cgttccaccc | 1560 |
| tttgcaaaact | tcgtgagcga | ggacctggtg  | gtgcataaca  | ccgtccccct | gggccaagtg | 1620 |
| acaatcgatg  | gcgggacctc | cgacatctat  | aggacgacac  | gcgtcaacca | gccttccatt | 1680 |

```

gtggggacag ccacgttcga tcagtactgg agcgtgcgca cctctaagcg gacttcagga    1740
acagtgaccg tgaccgatca cttccgcgcc tgggcgaacc ggggcctgaa cctcggcaca    1800
atagaccaaa ttacattgtg cgtggagggt taccaaagct ctggatcagc caacatcacc    1860
cagaacacct totctcaggg ctcttcttcc ggcagttcgg gtggctcatt cggctccaca    1920
acgactactc gcacgcagtg tgagaacatg tccttgtccg gaccctacgt tagcaggatc    1980
accaatccct ttaatgggtat tgcgctgtac gccaacggag acacagcccg cgctaccgtt    2040
aacttccccg caagtcgcaa ctacaatttc cgcctgcggg gttgcggcaa caacaataat    2100
cttgcccgtg tggacctgag gatcgacgga cggaccgtcg ggacctttta ttaccagggc    2160
acatacccct gggaggcccc aattgacaat gtttatgtca gtgcggggag tcatacagtc    2220
gaaatcactg ttactgcgga taacggcaca tgggacgtgt atgcogacta cctggtgata    2280
cagtga                                           2286

```

<210> 60

<211> 761

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, P77T134-100-101 Secuencia de aminoácido

<400> 60

```

Met Gln Thr Ser Ile Thr Leu Thr Ser Asn Ala Ser Gly Thr Phe Asp
1           5           10           15

Gly Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr
20          25          30

Val Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn
35          40          45

Ala Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu
50          55          60

Gly Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn
65          70          75          80

Ser Tyr Leu Cys Ile Tyr Gly Trp Ser Thr Asn Pro Leu Val Glu Phe
85          90          95

Tyr Ile Val Glu Ser Trp Gly Asn Trp Arg Pro Pro Gly Ala Cys Leu
100         105         110

Ala Glu Gly Ser Leu Val Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gln Arg Val Pro

```

|                                                                                    |     |     |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 115                                                                                | 120 | 125 |
| Ile Glu Lys Val Arg Pro Gly Met Glu Val Phe Ser Leu Gly Pro Asp<br>130 135 140     |     |     |
| Tyr Arg Leu Tyr Arg Val Pro Val Leu Glu Val Leu Glu Ser Gly Val<br>145 150 155 160 |     |     |
| Arg Glu Val Val Arg Leu Arg Thr Arg Ser Gly Arg Thr Leu Val Leu<br>165 170 175     |     |     |
| Thr Pro Asp His Pro Leu Leu Thr Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys<br>180 185 190     |     |     |
| Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val<br>195 200 205     |     |     |
| Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu<br>210 215 220     |     |     |
| Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys Leu Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg<br>225 230 235 240 |     |     |
| Pro Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys Asn Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr<br>245 250 255     |     |     |
| Arg Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His<br>260 265 270     |     |     |
| Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly<br>275 280 285     |     |     |
| Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala<br>290 295 300     |     |     |
| Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg<br>305 310 315 320 |     |     |
| Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly Arg Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser<br>325 330 335     |     |     |
| Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala<br>340 345 350     |     |     |
| Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu Arg Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu<br>355 360 365     |     |     |

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

Ser Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr  
625 630 635 640

Thr Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr  
645 650 655

Val Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn  
660 665 670

Gly Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr  
675 680 685

Asn Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val  
690 695 700

Asp Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly  
705 710 715 720

Thr Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly  
725 730 735

Ser His Thr Val Glu Ile Thr Val Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp  
740 745 750

Val Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile Gln  
755 760

<210> 61  
<211> 2358  
<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, BAASS:P77T134-100-101 Secuencia de nucleótidos

<400> 61

atggcgaaca aacatttgtc cctctccctc ttctctgtcc tccttggcct gtcggccagc 60  
ttggcctccg ggcaacaaac aagcattact ctgacatcca acgcatccgg tacgtttgac 120  
ggttactatt acgaactctg gaaggatact ggcaatacaa caatgacggt ctacactcaa 180  
ggtcgctttt cctgccagtg gtogaacatc aataacgcgt tgtttaggac cgggaagaaa 240  
tacaaccaga attggcagtc tcttggcaca atccggatca cgtactctgc gacttacaac 300  
ccaaacggga actcctactt gtgtatctat ggctggtcta ccaacccatt ggtcgagttc 360  
tacatcgttg agtcctgggg gaactggaga ccgcctggtg cctgcctggc cgagggctcg 420  
ctcgtcttgg acgcggctac cgggcagagg gtccctatcg aaaaggtgcg tccggggatg 480  
gaagttttct ccttgggacc tgattacaga ctgtatcggg tgcccgtttt ggaggtcctt 540

|            |             |            |            |             |            |      |
|------------|-------------|------------|------------|-------------|------------|------|
| gagagcgggg | ttaggggaagt | tgtgcgcctc | agaactcggg | caggggagaac | gctgggtgtg | 600  |
| acaccagatc | acccgccttt  | gacccccgaa | ggttggaac  | ctctttgtga  | cctcccgcct | 660  |
| ggaactccaa | ttgcagtc    | cgcagaactg | cctgtggcgg | gccacttggc  | cccacctgaa | 720  |
| gaacgtgtta | cgctcctggc  | tcttctgttg | ggggatggga | acacaaagct  | gtcgggtcgg | 780  |
| agaggtacac | gtcctaatac  | cttctcttac | agcaaaaacc | ccgaattgct  | cgcggttat  | 840  |
| cgccggtgtg | cagaagcctt  | gggtgcaaag | gtgaaagcat | acgtccaccc  | gactacgggg | 900  |
| gtggttacac | tcgcaaccct  | cgctccacgt | cctggagctc | aagatcctgt  | caaacgcctc | 960  |
| gttgctcagg | cgggaatggt  | tgctaaagcc | gaagagaaga | gggtcccgga  | ggaggtgttt | 1020 |
| cgttaccggc | gtgaggcgtt  | ggcccttttc | ttgggcccgt | tggtctcgac  | agacggctct | 1080 |
| gttgaaaaga | agaggatctc  | ttattcaagt | gccagtttgg | gactggccca  | ggatgtcgca | 1140 |
| catctcttgc | tcgcgccttg  | aattacatct | caactccgtt | cgagagggcc  | acgggctcac | 1200 |
| gaggttctta | tatcgggccg  | cgaggatatt | ttgcggtttg | ctgaacttat  | cggaccctac | 1260 |
| ctcttggggg | ccaagaggga  | gagacttgca | gcgctggaag | ctgaggcccg  | caggcgtttg | 1320 |
| cctggacagg | gatggcactt  | gcggcttggt | cttctgccc  | tggcgtacag  | agtgggcgag | 1380 |
| gcggaaaggc | gctcgggatt  | ttcgtggagt | gaagccggtc | ggcgcgtcgc  | agttgcggga | 1440 |
| tcgtgtttgt | catctggact  | caacctcaaa | ttgcccagac | gtacaccttc  | tcggcaccgg | 1500 |
| ttgtcgtcgc | tcggtgaggc  | ttttgccgac | cctgggctgg | aagcgctcgc  | ggaaggccaa | 1560 |
| gtgctctggg | accctattgt  | tgctgtcgaa | ccggccggta | aggcgagaac  | attcgacttg | 1620 |
| cgcgttccac | cctttgcaaa  | cttcgtgagc | gaggacctgg | tggtgcataa  | caccgtcccc | 1680 |
| ctgggccaag | tgacaatcga  | tggcgggacc | tacgacatct | ataggacgac  | acgcgtcaac | 1740 |
| cagccttcca | ttgtggggac  | agccacgttc | gatcagta   | ggagcgtgcg  | cacctctaag | 1800 |
| cggacttcag | gaacagtgc   | cgtgaccgat | cacttccgcg | cctgggcgaa  | ccggggcctg | 1860 |
| aacctcggca | caatagacca  | aattacattg | tgctggagg  | gttaccaaag  | ctctggatca | 1920 |
| gccaacatca | cccagaacac  | cttctctcag | ggctcttctt | ccggcagttc  | gggtggctca | 1980 |
| tccggctcca | caacgactac  | tcgcatcgag | tgtgagaaca | tgctcttgtc  | cggaccctac | 2040 |
| gttagcagga | tcaccaatcc  | ctttaatggt | attgcgctgt | acgccaacgg  | agacacagcc | 2100 |
| cgcgctaccg | ttaacttccc  | cgcaagtgc  | aactacaatt | tccgcctgcg  | gggttgccgc | 2160 |
| aacaacaata | atcttgcccg  | tgtggacctg | aggatcgacg | gacggaccgt  | cgggaccttt | 2220 |
| tattaccagg | gcacataccc  | ctgggaggcc | ccaattgaca | atgtttatgt  | cagtgcgggg | 2280 |
| agtcatacag | tcgaaatcac  | tgttactgcg | gataacggca | catgggacgt  | gtatgccgac | 2340 |
| tacctggtga | tacagtga    |            |            |             |            | 2358 |

<210> 62

<211> 785

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

5 <223> Construcción sintética, BAASS:P77T134-100-101 Secuencia de aminoácido

<400> 62

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

Pro Glu Gly Trp Lys Pro Leu Cys Asp Leu Pro Leu Gly Thr Pro Ile  
 210 215 220

Ala Val Pro Ala Glu Leu Pro Val Ala Gly His Leu Ala Pro Pro Glu  
 225 230 235 240

Glu Arg Val Thr Leu Leu Ala Leu Leu Leu Gly Asp Gly Asn Thr Lys  
 245 250 255

Leu Ser Gly Arg Arg Gly Thr Arg Pro Asn Ala Phe Phe Tyr Ser Lys  
 260 265 270

Asn Pro Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Cys Ala Glu Ala Leu Gly  
 275 280 285

Ala Lys Val Lys Ala Tyr Val His Pro Thr Thr Gly Val Val Thr Leu  
 290 295 300

Ala Thr Leu Ala Pro Arg Pro Gly Ala Gln Asp Pro Val Lys Arg Leu  
 305 310 315 320

Val Val Glu Ala Gly Met Val Ala Lys Ala Glu Glu Lys Arg Val Pro  
 325 330 335

Glu Glu Val Phe Arg Tyr Arg Arg Glu Ala Leu Ala Leu Phe Leu Gly  
 340 345 350

Arg Leu Phe Ser Thr Asp Gly Ser Val Glu Lys Lys Arg Ile Ser Tyr  
 355 360 365

Ser Ser Ala Ser Leu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ala His Leu Leu Leu  
 370 375 380

Arg Leu Gly Ile Thr Ser Gln Leu Arg Ser Arg Gly Pro Arg Ala His  
 385 390 395 400

Glu Val Leu Ile Ser Gly Arg Glu Asp Ile Leu Arg Phe Ala Glu Leu  
 405 410 415

Ile Gly Pro Tyr Leu Leu Gly Ala Lys Arg Glu Arg Leu Ala Ala Leu  
 420 425 430

Glu Ala Glu Ala Arg Arg Arg Leu Pro Gly Gln Gly Trp His Leu Arg  
 435 440 445

Leu Val Leu Pro Ala Val Ala Tyr Arg Val Gly Glu Ala Glu Arg Arg  
 450 455 460

Ser Gly Phe Ser Trp Ser Glu Ala Gly Arg Arg Val Ala Val Ala Gly  
 465 470 475 480

Ser Cys Leu Ser Ser Gly Leu Asn Leu Lys Leu Pro Arg Arg Tyr Leu  
 485 490 495

Ser Arg His Arg Leu Ser Leu Leu Gly Glu Ala Phe Ala Asp Pro Gly  
 500 505 510

Leu Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala  
 515 520 525

Val Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro  
 530 535 540

Phe Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Thr Val Pro  
 545 550 555 560

Leu Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr  
 565 570 575

Thr Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Val Gly Thr Ala Thr Phe Asp Gln  
 580 585 590

Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr Ser Gly Thr Val Thr Val  
 595 600 605

Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg Gly Leu Asn Leu Gly Thr  
 610 615 620

Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser  
 625 630 635 640

Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser  
 645 650 655

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu  
 660 665 670

Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe  
 675 680 685

Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val  
 690 695 700

Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly  
 705 710 715 720

Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr  
725 730 735

Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile  
740 745 750

Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His Thr Val Glu Ile Thr Val  
755 760 765

Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile  
770 775 780

Gln  
785

<210> 63  
<211> 2376  
<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, BAASS:P77T134-100-101:SEKDEL Secuencia de nucleótidos

<400> 63

|                                                                     |     |
|---------------------------------------------------------------------|-----|
| atggcgaaca aacatttgct cctctccctc ttectcgctc tccttggcct gtcggccagc   | 60  |
| ttggcctccg ggcaacaaac aagcattact ctgacatcca acgcatccgg tacgtttgac   | 120 |
| ggttactatt acgaactctg gaaggatact ggcaatacaa caatgacggt ctacactcaa   | 180 |
| ggtcgccttt cctgccagtg gtcgaacatc aataacgcgt tgtttaggac cgggaagaaa   | 240 |
| tacaaccaga attggcagtc tcttggcaca atccggatca cgtactctgc gacttacaac   | 300 |
| ccaaacggga actcctactt gtgtatctat ggctggctta ccaacccatt ggtcgagttc   | 360 |
| tacatcgttg agtcctgggg gaactggaga ccgcctgggt cctgcctggc cgagggctcg   | 420 |
| ctcgtcttgg acgcggctac cgggcagagg gtccctatcg aaaagggtgcg tccgggggatg | 480 |
| gaagttttct ccttgggacc tgattacaga ctgtatcggg tgcccgtttt ggaggtcctt   | 540 |
| gagagcgggg ttagggaagt tgtgcgcctc agaactcggc cagggagaaac gctggtgttg  | 600 |
| acaccagatc acccgctttt gacccccgaa ggttggaac ctctttgtga cctcccgtt     | 660 |
| ggaactccaa ttgcagtccc cgcagaactg cctgtggcgg gccacttggc cccacctgaa   | 720 |
| gaacgtgtta cgtccttggc tcttctgttg ggggatggga acacaaagct gtcgggtcgg   | 780 |
| agaggtacac gtcctaatac cttcttctac agcaaaaacc ccgaattgct cgcggcttat   | 840 |
| cgccggtgtg cagaagcctt gggtgcaaag gtgaaagcat acgtccaccc gactacgggg   | 900 |
| gtggttacac tcgcaaccct cgctccacgt cctggagctc aagatcctgt caaacgcctc   | 960 |

gttgctcgagg cgggaatggt tgctaaagcc gaagagaaga ggggtcccga ggaggtgttt 1020  
 cgttaccggc gtgaggcggt ggccttttcc ttggggccgtt tggtctcgac agacggctct 1080  
 gttgaaaaga agaggatctc ttattcaagt gccagtttgg gactggccca ggatgtcgca 1140  
 catctcttgc tgcgccttgg aattacatct caactccgtt cgagagggcc acgggctcac 1200  
 gaggttctta tatcgggccg cgaggatatt ttgcgggttg ctgaacttat cggaccctac 1260  
 ctcttggggg ccaagaggga gagacttgca gcgctggaag ctgaggcccc caggcggttg 1320  
 cctggacagg gatggcactt gcggcttggt ctccctgccg tggcgtagag agtgggagag 1380  
 gcggaaaggc gctcgggatt ttcgtggagt gaagccggtc ggcgcgtcgc agttgcggga 1440  
 tcgtgtttgt catctggact caacctcaaa ttgcccgac gctaccttcc tcggcaccgg 1500  
 ttgtcgctgc tcggtgaggc ttttgccgac cctgggctgg aagcgctcgc ggaaggccaa 1560  
 gtgctctggg acctatttgt tgctgtcgaa ccggccggtg aggcgagaac attcgacttg 1620  
 cgcgttccac cctttgcaaa ctctgtgagc gaggacctgg tgggtgcataa caccgtcccc 1680  
 ctggggccaag tgacaatcga tggcgggacc tacgacatct ataggacgac acgcgtcaac 1740  
 cagccttcca ttgtggggac agccacgttc gatcagtact ggagcgtgcg cacctctaag 1800  
 cggacttcag gaacagtgac cgtgaccgat cacttccgcg cctggggcga cgggggcctg 1860  
 aacctcggca caatagacca aattacattg tgcgtggagg gttaccaaag ctctggatca 1920  
 gccaacatca cccagaacac cttctctcag ggctcttctt ccggcagttc ggggtggctca 1980  
 tcgggtccca caacgactac tcgcatcgag tgtgagaaca tgtccttgct cggaccctac 2040  
 gtttagcagga tcaccaatcc ctttaattgg attgcgctgt acgccaacgg agacacagcc 2100  
 cgcgctaccg ttaacttccc cgcaagtgcg aactacaatt tccgcctgcg gggttgcggc 2160  
 aacaacaata atcttgcccc tgtggacctg aggatcgacg gacggaccgt cgggaccttt 2220  
 tattaccagg gcacataccc ctgggaggcc ccaattgaca atgtttatgt cagtgcgggg 2280  
 agtcatacag tcgaaatcac tgttactgcg gataacggca catgggacgt gtatgccgac 2340  
 tacctgggtga tacagagcga gaaggacgag ctgtga 2376

<210> 64

<211> 791

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, BAASS:P77T134-100-101:SEKDEL Secuencia de aminoácido

<400> 64

Met Ala Asn Lys His Leu Ser Leu Ser Leu Phe Leu Val Leu Leu Gly  
 1 5 10 15

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

| 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Asn | Pro | Glu | Leu | Leu | Ala | Ala | Tyr | Arg | Arg | Cys | Ala | Glu | Ala | Leu | Gly |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| Ala | Lys | Val | Lys | Ala | Tyr | Val | His | Pro | Thr | Thr | Gly | Val | Val | Thr | Leu |
|     |     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |
| Ala | Thr | Leu | Ala | Pro | Arg | Pro | Gly | Ala | Gln | Asp | Pro | Val | Lys | Arg | Leu |
|     |     | 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |
| Val | Val | Glu | Ala | Gly | Met | Val | Ala | Lys | Ala | Glu | Glu | Lys | Arg | Val | Pro |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |
| Glu | Glu | Val | Phe | Arg | Tyr | Arg | Arg | Glu | Ala | Leu | Ala | Leu | Phe | Leu | Gly |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     |     | 345 |     |     |     | 350 |     |     |
| Arg | Leu | Phe | Ser | Thr | Asp | Gly | Ser | Val | Glu | Lys | Lys | Arg | Ile | Ser | Tyr |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |
| Ser | Ser | Ala | Ser | Leu | Gly | Leu | Ala | Gln | Asp | Val | Ala | His | Leu | Leu | Leu |
|     |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |
| Arg | Leu | Gly | Ile | Thr | Ser | Gln | Leu | Arg | Ser | Arg | Gly | Pro | Arg | Ala | His |
|     |     | 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |
| Glu | Val | Leu | Ile | Ser | Gly | Arg | Glu | Asp | Ile | Leu | Arg | Phe | Ala | Glu | Leu |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
| Ile | Gly | Pro | Tyr | Leu | Leu | Gly | Ala | Lys | Arg | Glu | Arg | Leu | Ala | Ala | Leu |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
| Glu | Ala | Glu | Ala | Arg | Arg | Arg | Leu | Pro | Gly | Gln | Gly | Trp | His | Leu | Arg |
|     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |
| Leu | Val | Leu | Pro | Ala | Val | Ala | Tyr | Arg | Val | Gly | Glu | Ala | Glu | Arg | Arg |
|     |     | 450 |     |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |
| Ser | Gly | Phe | Ser | Trp | Ser | Glu | Ala | Gly | Arg | Arg | Val | Ala | Val | Ala | Gly |
|     |     | 465 |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |
| Ser | Cys | Leu | Ser | Ser | Gly | Leu | Asn | Leu | Lys | Leu | Pro | Arg | Arg | Tyr | Leu |
|     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |
| Ser | Arg | His | Arg | Leu | Ser | Leu | Leu | Gly | Glu | Ala | Phe | Ala | Asp | Pro | Gly |
|     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |

Leu Glu Ala Leu Ala Glu Gly Gln Val Leu Trp Asp Pro Ile Val Ala  
 515 520 525

Val Glu Pro Ala Gly Lys Ala Arg Thr Phe Asp Leu Arg Val Pro Pro  
 530 535 540

Phe Ala Asn Phe Val Ser Glu Asp Leu Val Val His Asn Thr Val Pro  
 545 550 555 560

Leu Gly Gln Val Thr Ile Asp Gly Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Arg Thr  
 565 570 575

Thr Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Val Gly Thr Ala Thr Phe Asp Gln  
 580 585 590

Tyr Trp Ser Val Arg Thr Ser Lys Arg Thr Ser Gly Thr Val Thr Val  
 595 600 605

Thr Asp His Phe Arg Ala Trp Ala Asn Arg Gly Leu Asn Leu Gly Thr  
 610 615 620

Ile Asp Gln Ile Thr Leu Cys Val Glu Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser  
 625 630 635 640

Ala Asn Ile Thr Gln Asn Thr Phe Ser Gln Gly Ser Ser Ser Gly Ser  
 645 650 655

Ser Gly Gly Ser Ser Gly Ser Thr Thr Thr Thr Arg Ile Glu Cys Glu  
 660 665 670

Asn Met Ser Leu Ser Gly Pro Tyr Val Ser Arg Ile Thr Asn Pro Phe  
 675 680 685

Asn Gly Ile Ala Leu Tyr Ala Asn Gly Asp Thr Ala Arg Ala Thr Val  
 690 695 700

Asn Phe Pro Ala Ser Arg Asn Tyr Asn Phe Arg Leu Arg Gly Cys Gly  
 705 710 715 720

Asn Asn Asn Asn Leu Ala Arg Val Asp Leu Arg Ile Asp Gly Arg Thr  
 725 730 735

Val Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Thr Tyr Pro Trp Glu Ala Pro Ile  
 740 745 750

Asp Asn Val Tyr Val Ser Ala Gly Ser His Thr Val Glu Ile Thr Val  
 755 760 765

Thr Ala Asp Asn Gly Thr Trp Asp Val Tyr Ala Asp Tyr Leu Val Ile  
770 775 780

Gln Ser Glu Lys Asp Glu Leu  
785 790

<210> 65  
<211> 4654  
<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, Casete de expresión en pAG2227 es OsUbi3P:P77853-T134-100-101

<400> 65

```

ggtagcgtcg actctagtaa cggccgccag tgtgctggaa ttaattcggc ttgtcgacca      60
cccaacccca tatcgacaga ggatgtgaag aacaggtaaa tcacgcagaa gaacccatct      120
ctgatagcag ctatcgatta gaacaacgaa tccatattgg gtccgtggga aatacttact      180
gcacaggaag ggggcgatct gacgaggccc cggcaccggc ctcgaccgga ggccgaggcc      240
gacgaagcgc cggcgagtac ggcgcgcgcg cggcctctgc ccgtgccctc tgcgcgtggg      300
agggagaggc cgcggtggtg ggggcgcgcg cgcgcgcgcg cgcagctggt gcggcggcgc      360
gggggtcagc cggcgagccg gcggcgacgg aggagcaggg cggcgtggac gcgaacttcc      420
gatcggttgg tcagagtgcg cgagttgggc ttagccaatt aggtctcaac aatctattgg      480
gccgtaaaat tcatgggccc tggtttgtct agggccaata tcccgttcat ttcagcccac      540
aaatatttcc ccagaggatt attaaggccc acacgcagct tatagcagat caagtacgat      600
gtttcctgat cgttggtatg gaaacgtacg gtcttgatca ggcattgccg cttcgtcaaa      660
gagaggcggc atgacctgac gcggagttgg ttccgggcac cgtctggatg gtctgaccgg      720
gaccggacac gtgtgcgcgc tccaactaca tggacacgtg tggtagctgcc attgggccgt      780
acgcgtggcg gtgaccgcac cggatgctgc ctgcaccgc cttgcccacg ctttatatag      840
agaggttttc tctccattaa tcgcatagcg agtcgaatcg accgaagggg agggggagcg      900
aagctttgcg ttctctaata gcctcgtcaa ggtaactaat caatcacctc gtcctaattcc      960
tcgaatctct cgtggtgccc gtctaattct gcgattttga tgctcgtggt ggaaagcgta     1020
ggaggatccc gtgcgagtta gtctcaatct ctcagggttt cgtgcgattt tagggtgatc     1080
cacctcttaa tcgagttacg gtttcgtgcg attttagggt aatcctctta atctctcatt     1140
gatttagggt ttctgagaa tcgaggtagg gatctgtggt atttatatcg atctaataga     1200
tggtattggt ttgagattgt tctgtcagat ggggattggt tcgatatatt accctaataga     1260
tgtgtcagat ggggattggt tcgatatatt accctaataga tgtgtcagat ggggattggt     1320

```

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| tcgatataatt accctaataa tggataataa gagtagttca cagttatggt ttgatcctgc | 1380 |
| cacatagttt gagttttgtg atcagattta gttttactta tttgtgctta gttcggatgg  | 1440 |
| gattgttctg atattgttcc aatagatgaa tagctcgta ggtaaaatc tttagggtga    | 1500 |
| gttagggcag acatagttta tttcctctgg atttggttg gaattgtgtt cttagttttt   | 1560 |
| ttcccctgga tttggattgg aattgtgtgg agctgggtta gagaattaca tctgtatcgt  | 1620 |
| gtacacctac ttgaactgta gagcttgggt tctaaggcca atttaactctg tattgtatct | 1680 |
| ggctcttttg ctagttgaac tgtagtgtg atgttgtact gtgttttttt acccggttta   | 1740 |
| tttgctttac tcgtgcaaat caaatctgtc agatgctaga actagggtggc tttattctgt | 1800 |
| gttcttacat agatctgttg tctgttagtt acttatgtca gttttgttat tatctgaaga  | 1860 |
| tatttttggg tgttgcttgt tgatgtggtg tgagctgtga gcagcgctct tatgattaat  | 1920 |
| gatgctgtcc aattgttagt tagtatgat tgattgatat gttcatctat tttagctga    | 1980 |
| cagtaccgat atcgtaggat ctgggtccaa cttattctcc agctgctttt ttttacctat  | 2040 |
| gttaattcca atcctttctt gcctcttcca gatccagata atgcaaaca gcattactct   | 2100 |
| gacatccaac gcacccggtg cgtttgacgg ttactattac gaactctgga aggatactgg  | 2160 |
| caatacaaca atgacgggtc aactcaagg tcgcttttcc tgccagtggc cgaacatcaa   | 2220 |
| taacgcgttg tttaggaccg ggaagaaata caaccagaat tggcagcttc ttggcacaat  | 2280 |
| ccggatcacg tactctgcga cttacaacct aaacgggaac tctacttgt gtatctatgg   | 2340 |
| ctgggtctacc aaccatttg tcgagttcta catcggtgag tcttggggga actggagacc  | 2400 |
| gcctggtgcc tgccctggccg agggctcgct cgtcttggac gcggctaccg ggcagagggg | 2460 |
| ccctatcgaa aagggtgcgc cggggatgga agttttctcc ttgggacctg attacagact  | 2520 |
| gtatcgggtg cccgttttg aggtccttga gagcggggtt aggggaagtg tgccctcag    | 2580 |
| aactcgggtca gggagaacgc tgggtgtgac accagatcac ccgcttttga ccccggaagg | 2640 |
| ttggaaaact ctttgtgacc tcccgttgg aactccaatt gcagtccccg cagaactgcc   | 2700 |
| tgtggcgggc cacttgccc cactgaaga acgtgttacg ctctgggtc ttctgttggg     | 2760 |
| ggatgggaac acaaagctgt cgggtcggag aggtacacgt cctaagcct tcttctacag   | 2820 |
| caaaaacccc gaattgctcg cggcttatcg ccggtgtgca gaagccttg gtgcaaagg    | 2880 |
| gaaagcatat gtccaccga ctacgggggt ggttacactc gcaaccctcg ctccacgtcc   | 2940 |
| tggagctcaa gatcctgtca aacgcctcgt tgtcgaggcg ggaatggttg ctaaagccga  | 3000 |
| agagaagagg gtcccgagg aggtgttctg ttaccggcgt gaggcgttg cccttttctt    | 3060 |
| gggcccgttg ttctcgacag acggctctgt tgaaaagaag aggatctctt attcaagtgc  | 3120 |
| cagtttggga ctggcccagg atgtcgaca tctcttgctg cgccttggaa ttacatctca   | 3180 |
| actccgttcg agagggccac gggctcacga ggttcttata tcgggcccgc aggatatttt  | 3240 |

gcgggtttgct gaacttatcg gaccctacct cttggggggcc aagagggaga gacttgccage 3300  
gctggaagct gagggcccgca ggcgtttgcc tggacaggga tggcacttgc ggcttgttct 3360  
tcttgccgtg gcgtacagag tgggcgaggc ggaaaggcgc tcgggatttt cgtggagtga 3420  
agccgggtcgg cgcgtcgag ttgcgggac gtgtttgtca tctggactca acctcaaatt 3480  
gcccagacgc tacctttctc ggcaccggtt gtgcgtgctc ggtgaggctt ttgccgaccc 3540  
tgggctggaa gcgctcgcg aaggccaagt gctctgggac cctattgttg ctgtcgaacc 3600  
ggccggttaag gcgagaacat tcgacttgcg cgttccaccc tttgcaaact tcgtgagcga 3660  
ggacctggtg gtgcataaca ccgtccccct gggccaagtg acaatcgatg gcgggaccta 3720  
cgacatctat aggacgacac gcgtcaacca gccttccatt gtggggacag ccacgttcga 3780  
tcagtactgg agcgtgcgca cctctaagcg gacttcagga acagtgaccg tgaccgatca 3840  
cttcgcgcgc tgggcgaacc ggggcctgaa cctcggcaca atagaccaaa ttacattgtg 3900  
cgtggagggt taccaaagct ctggatcagc caacatcacc cagaacacct tctctcaggg 3960  
ctcttcttcc ggcagttcgg gtggctcatc cggctccaca acgactactc gcacgagtg 4020  
tgagaacatg tccttgtccg gaccctacgt tagcaggatc accaatccct ttaatggtat 4080  
tgcgctgtac gccaacggag acacagcccg cgctaccgtt aacttccccg caagtgcgaa 4140  
ctacaatttc cgcctgcggg gttgcggcaa caacaataat cttgcccgtg tggacctgag 4200  
gatcgacgga cggaccgtcg ggacctttta ttaccagggc acataccctt gggaggcccc 4260  
aattgacaat gtttatgtca gtgcggggag tcatacagtc gaaatcactg ttactgcgga 4320  
taacggcaca tgggacgtgt atgccgacta cctggtgata cagtgccta ggtccccgaa 4380  
tttccccgat cgttcaaaca tttggcaata aagtttctta agattgaatc ctggtgcggg 4440  
tcttgcgatg attatcatat aatttctgtt gaattacgtt aagcatgtaa taattaacat 4500  
gtaatgcatg acgttattta tgagatgggt ttttatgatt agagtccgc aattatacat 4560  
ttaatacgcg atagaaaaca aaatatagcg cgcaaaactag gataaattat cgcgcgcggg 4620  
gtcatctatg ttactagatc gggaattgga attc 4654

<210> 66  
<211> 4726  
<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, Casete de expresión en pAG2228 - OsUbi3P:BAASS:P77853-T134-100-101:NosT

<400> 66

ggtaccgtcg actctagtaa cggccgccag tgtgctggaa ttaattcggc ttgtcgacca 60  
cccaacccca tatcgacaga ggatgtgaag aacaggtaaa tcacgcagaa gaacccatct 120

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ctgatagcag ctatcgatta gaacaacgaa tccatattgg gtccgtggga aatacttact  | 180  |
| gcacaggaag ggggcgatct gacgaggccc cgccaccggc ctcgaccoga ggccgagggc  | 240  |
| gacgaagcgc cggcgagtac ggcgcgcgcg cggcctctgc ccgtgccctc tgcgcgtggg  | 300  |
| agggagaggg cgcggtggtg ggggcgcgcg cgcgcgcgcg cgcagctggg gcggcggcgc  | 360  |
| gggggtcagc cgcgcgagccg gcggcgacgg aggagcaggg cggcgtggac gcgaacttcc | 420  |
| gatcggttgg tcagagtgcg cgagttgggc ttagccaatt aggtctcaac aatctattgg  | 480  |
| gccgtaaaat tcatgggcc tggtttgtct aggcocaata tcccgttcat ttcagcccac   | 540  |
| aaatatttcc ccagaggatt attaaggccc acacgcagct tatagcagat caagtaogat  | 600  |
| gtttcctgat cgttgatcg gaaacgtacg gtcttgatca ggcatgccga ctctgtcaaa   | 660  |
| gagaggcggc atgacctgac gcggagttgg ttccgggcac cgtctggatg gtcgtaccgg  | 720  |
| gaccggacac gtgtcgcgc tccaactaca tggacacgtg tgggtgctgc attgggcgct   | 780  |
| acgcgtggcg gtgaccgcac cggatgctgc ctcgcaccgc cttgccacg ctttatatag   | 840  |
| agaggttttc tctccattaa tcgcatagcg agtcgaatcg accgaagggg agggggagcg  | 900  |
| aagctttgcg ttctctaata gcctcgtcaa ggtaactaat caatcacctc gtcctaatac  | 960  |
| tcgaatctct cgtgggtgcc gtctaatactc gcgattttga tgctcgtggg ggaaagcgta | 1020 |
| ggaggatccc gtgcgagtta gtctcaatct ctcagggttt cgtgcgattt taggggtgatc | 1080 |
| cacctcttaa tcgagttacg gtttcgtgcg attttagggg aatcctctta atctctcatt  | 1140 |
| gatttagggg ttctgtgagaa tcgaggtagg gatctgtgtt atttatatcg atctaataga | 1200 |
| tggattgggt ttgagattgt tctgtcagat ggggattgtt tcgatatatt accctaataga | 1260 |
| tgtgtcagat ggggattgtt tcgatatatt accctaataga tgtgtcagat ggggattgtt | 1320 |
| tcgatatatt accctaataga tggataataa gagtagttca cagttatgtt ttgatcctgc | 1380 |
| cacatagttt gagttttgtg atcagattta gttttactta tttgtgctta gttcggatgg  | 1440 |
| gattgttctg atattgttcc aatagatgaa tagctcgta ggtaaaaac tttagggtga    | 1500 |
| gttaggcgac acatagttta tttcctctgg atttggattg gaattgtgtt cttagttttt  | 1560 |
| ttcccctgga tttggattgg aattgtgtg agctgggtta gagaattaca tctgtatcgt   | 1620 |
| gtacacctac ttgaactgta gagcttgggt tctaaggta atttaactctg tattgtatct  | 1680 |
| ggctctttgc ctagttgaac tgtagtgtg atgttgtact gtgttttttt acccggttta   | 1740 |
| tttgctttac tcgtgcaaat caaatctgtc agatgctaga actagggtggc tttattctgt | 1800 |
| gttcttacat agatctgttg tcctgtagtt acttatgtca gttttgttat tatctgaaga  | 1860 |
| tatttttggg tgttgcttgt tgatgtgggt tgagctgtga gcagcgtct tatgattaat   | 1920 |
| gatgctgtcc aattgtagtg tagtatgat tgattgatat gttcatctat tttgagctga   | 1980 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| cagtaccgat atcgtaggat ctggtgccaa cttattctcc agctgctttt ttttacctat  | 2040 |
| gttaattcca atcctttctt gcctcttcca gatccagata atggcgaaca aacatttgct  | 2100 |
| cctctccctc ttctctgtcc tccttggcct gtcggccagc ttggcctccg ggcaacaaac  | 2160 |
| aagcattact ctgacatcca acgcatccgg tacgtttgac ggttactatt acgaactctg  | 2220 |
| gaaggatact ggcaatacaa caatgacggt ctacactcaa ggtcgctttt cctgccagtg  | 2280 |
| gtcgaacatc aataacgcgt tgtttaggac cgggaagaaa tacaaccaga attggcagtc  | 2340 |
| tcttggcaca atccggatca cgtactctgc gacttacaac ccaaacggga actcctactt  | 2400 |
| gtgtatctat ggctggtcta ccaaccattt ggtcgagttc tacatcgttg agtcctgggg  | 2460 |
| gaactggaga cgcctggtg cctgcctggc cgagggtcgc ctcgctcttg acgcggtac    | 2520 |
| cgggcagagg gtccctatcg aaaagggtgc tccggggatg gaagttttct ccttgggacc  | 2580 |
| tgattacaga ctgtatcggg tgcccgtttt ggaggtcctt gagagcgggg ttaggggaagt | 2640 |
| tgtgcgcctc agaactcgtt caggagagaac gctggtgttg acaccagatc acccgctttt | 2700 |
| gacccccgaa ggttggaac ctctttgtga cctcccgctt ggaactccaa ttgcagtccc   | 2760 |
| cgcagaactg cctgtggcgg gccacttggc cccacctgaa gaacgtgtta cgtccctggc  | 2820 |
| tcttctgttg ggggatggga acacaaagct gtcgggtcgg agaggtacac gtcctaattg  | 2880 |
| cttcttctac agcaaaaacc ccgaattgct cgcggcttat cgcgggtgtg cagaagcctt  | 2940 |
| gggtgcaaag gtgaaagcat acgtccacct gactacgggg gtggttacac tcgcaacct   | 3000 |
| cgtccacgt cctggagctc aagatcctgt caaacgcctc gttgtcgagg cgggaatggt   | 3060 |
| tgctaaagcc gaagagaaga gggccccga ggagggtgtt cgttacccgc gtgaggcgtt   | 3120 |
| ggcccttttc ttgggcccgt tgttctcgac agacggctct gttgaaaaga agaggatctc  | 3180 |
| ttattcaagt gccagtttg gactggccca ggatgtcgca catctcttgc tgcgccttgg   | 3240 |
| aattacatct caactccgtt cgagagggcc acgggctcac gaggttctta tatcgggccg  | 3300 |
| caggatatt ttgcggtttg ctgaacttat cggacctac ctcttggggg ccaagagggga   | 3360 |
| gagacttgca gcgctggaag ctgaggcccc caggcgtttg cctggacagg gatggcactt  | 3420 |
| gcggcttggt ctctctgcc tggcgtacag agtgggcgag gcggaaaggc gctcgggatt   | 3480 |
| ttcgtggagt gaagccggtc ggcgcgtcgc agttgcggga tcgtgtttgt catctggact  | 3540 |
| caacctcaaa ttgccagac gctaccttct tcggcaccgg ttgtcgctgc tcggtgaggg   | 3600 |
| ttttgccgac cctgggctgg aagcgcctgc ggaaggccaa gtgctctggg acctattgt   | 3660 |
| tgctgtcgaa ccggccggtg aggcgagaa attcgacttg cgcgttccac cctttgcaaa   | 3720 |
| cttcgtgagc gaggacctgg tgggtcataa caccgtcccc ctggggccaa tgacaatcga  | 3780 |
| tggcgggacc tacgacatct ataggacgac acgcgtcaac cagccttcca ttgtggggac  | 3840 |
| agccacgttc gatcagtact ggagcgtgcg cacctctaag cggacttcag gaacagtgac  | 3900 |

cgtgaccgat cacttccgcg cctgggcgaa cgggggcctg aacctcggca caatagacca 3960  
 aattacattg tgcgtggagg gttaccaaag ctctggatca gccaacatca cccagaacac 4020  
 cttctctcag ggctcttctt ccggcagttc ggggtggctca tccggctcca caacgactac 4080  
 tcgcatcgag tgtgagaaca tgtccttgtc cggaccctac gttagcagga tcaccaatcc 4140  
 ctttaatggt attgcgctgt acgccaacgg agacacagcc cgcgctaccg ttaacttccc 4200  
 cgcaagtgc aactacaatt tccgcctgcg ggggttgcggc aacaacaata atcttgcccg 4260  
 tgtggacctg aggatcgacg gacggacctg cgggacctt tattaccagg gcacataccc 4320  
 ctgggaggcc ccaattgaca atgtttatgt cagtgcgggg agtcatacag tcgaaatcac 4380  
 tgttactgcg gataacggca catgggacgt gtatgccgac tacctggtga tacagtgacc 4440  
 taggtccccg aatttccccg atcgttcaaa catttggcaa taaagtttct taagattgaa 4500  
 tcctgttgcc ggtcttgcca tgattatcat ataatttctg ttgaattacg ttaagcatgt 4560  
 aataattaac atgtaatgca tgacgttatt tatgagatgg gtttttatga ttagagtccc 4620  
 gcaattatac atttaatacg ctagataaaa caaaatatag cgcgcaaact aggataaatt 4680  
 atcgcgcgcg gtgtcatcta tgttactaga tcgggaattg gaattc 4726

<210> 67

<211> 4744

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, Casete de expresión en pAG2229 - OsUbi3P:BAASS:P77853-T134-100-101:SEK- DEL:NosT

<400> 67

ggtaccgtcg actctagtaa cggcccgccag tgtgctggaa ttaattcggc ttgtcgacca 60  
 cccaacccca tatcgacaga ggatgtgaag aacaggtaaa tcacgcagaa gaacccatct 120  
 ctgatagcag ctatcgatta gaacaacgaa tccatattgg gtccgtggga aatacttact 180  
 gcacaggaag ggggcgatct gacgaggccc cggcacccgc ctcgaccgga ggccgaggcc 240  
 gacgaagcgc cggcgagtac ggcgcgcggg cggcctctgc ccgtgccctc tgccgctggg 300  
 agggagaggc cgcggtggtg ggggcgcgcg cgcgcgcgcg cgcagctggt gcggcggcgc 360  
 ggggggtcagc cggcgagccg ggcgcgacgg aggagcaggg cggcgtggac gcgaacttcc 420  
 gatcggttgg tcagagtgcg cgagttgggc ttagccaatt aggtctcaac aatctattgg 480  
 gccgtaaaat tcatgggcc tggtttgtct agggccaata tcccgttcat ttcagcccac 540  
 aaatatttcc ccagaggatt attaaggccc acacgcagct tatagcagat caagtacgat 600  
 gtttcctgat cgttggtatg gaaacgtacg gtcttgatca ggcagccga cttcgtcaaa 660  
 gagaggcggc atgacctgac gcggagttgg ttccgggcac cgtctggatg gtcgtaccgg 720

|             |             |             |             |             |             |      |
|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| gacccggacac | gtgtcgcgcc  | tccaaactaca | tggacacgtg  | tggtgctgcc  | attggggcgt  | 780  |
| acgcgtggcg  | gtgaccgcac  | cggatgctgc  | ctcgcaccgc  | cttgcccacg  | ctttatatag  | 840  |
| agagggttttc | tctccattaa  | tgcatacg    | agtcgaatcg  | accgaagggg  | agggggagcg  | 900  |
| aagctttgcg  | ttctctaate  | gcctcgtcaa  | ggtaactaat  | caatcacctc  | gtcctaatacc | 960  |
| togaatctct  | cgtggtgccc  | gtctaatactc | gcgattttga  | tgctcgtggg  | ggaaagcgta  | 1020 |
| ggaggatccc  | gtgcgagtta  | gtctcaatct  | ctcaggggtt  | cgtgcgattt  | taggggtgatc | 1080 |
| cacctcttaa  | tgcagttacg  | gtttcgtgcg  | attttagggg  | aatcctctta  | atctctcatt  | 1140 |
| gatttagggg  | ttcgtgagaa  | tgcaggtagg  | gatctgtgtt  | atttatatcg  | atctaataga  | 1200 |
| tggattgggt  | ttgagattgt  | tctgtcagat  | ggggattgtt  | togatatatt  | accctaataga | 1260 |
| tgtgtcagat  | ggggattgtt  | togatatatt  | accctaataga | tgtgtcagat  | ggggattgtt  | 1320 |
| togatatatt  | accctaataga | tggataataa  | gagtagttca  | cagttatgtt  | ttgatcctgc  | 1380 |
| cacatagttt  | gagttttgtg  | atcagattta  | gttttactta  | tttgtgctta  | gttcggatgg  | 1440 |
| gattgttctg  | atattgttcc  | aatagatgaa  | tagctcgtta  | ggttaaaatc  | tttaggttga  | 1500 |
| gttaggcgac  | acatagttta  | tttcctctgg  | atttggattg  | gaattgtgtt  | cttagttttt  | 1560 |
| ttcccctgga  | tttggattgg  | aattgtgtgg  | agctgggtta  | gagaattaca  | tctgtatcgt  | 1620 |
| gtacacctac  | ttgaactgta  | gagcttgggt  | tctaagggtca | atttaaatctg | tattgtatct  | 1680 |
| ggctctttgc  | ctagttgaac  | tgtagtctcg  | atgttgtact  | gtgttttttt  | acccgtttta  | 1740 |
| tttgctttac  | tctgtcaaat  | caaatactgtc | agatgctaga  | actaggtggc  | tttattctgt  | 1800 |
| gttcottacat | agatctgttg  | tccgttagtt  | acttatgtca  | gttttggtat  | tatctgaaga  | 1860 |
| tatttttggg  | tgttgcttgt  | tgatgtgggt  | tgagctgtga  | gcagcgcctc  | tatgattaat  | 1920 |
| gatgctgtcc  | aattgtagtg  | tagtatgatg  | tgattgatat  | gttcacotat  | tttgagctga  | 1980 |
| cagtaccgat  | atcgtaggat  | ctggtgccaa  | cttattctcc  | agctgccttt  | ttttacctat  | 2040 |
| gttaattcca  | atcctttctt  | gcctcttcca  | gatccagata  | atggcgaaca  | aacatttgtc  | 2100 |
| cctctccctc  | ttcctcgtcc  | tccttggcct  | gtcggccagc  | ttggcctccg  | ggcaacaaac  | 2160 |
| aagcattact  | ctgacatcca  | acgcatacgg  | tacgtttgac  | ggttactatt  | acgaactctg  | 2220 |
| gaaggatact  | ggcaatacaa  | caatgacggg  | ctacactcaa  | ggtcgccttt  | cctgccagtg  | 2280 |
| gtogaacatc  | aataacgcgt  | tgtttaggac  | cgggaagaaa  | tacaaccaga  | attggcagtc  | 2340 |
| tcttggcaca  | atccggatca  | cgtactctgc  | gacttacaac  | ccaaacggga  | actcctactt  | 2400 |
| gtgtatctat  | ggctgggtcta | ccaacccatt  | ggtcgagttc  | tacatcgttg  | agtcctgggg  | 2460 |
| gaactggaga  | cgcctgggtg  | cctgcctggc  | cgagggctcg  | ctcgtcttgg  | acgcggctac  | 2520 |
| cgggcagagg  | gtccctatcg  | aaaagggtgcg | tcgggggatg  | gaagttttct  | ccttgggacc  | 2580 |

|            |            |             |            |             |             |      |
|------------|------------|-------------|------------|-------------|-------------|------|
| tgattacaga | ctgtatcggg | tgcccgtttt  | ggaggtcctt | gagagcgggg  | ttagggaagt  | 2640 |
| tgtggcctc  | agaactcggg | cagggagaac  | gctggtgttg | acaccagatc  | acccgctttt  | 2700 |
| gacccccgaa | gggttgaaac | ctctttgtga  | cctcccgtt  | ggaactccaa  | ttgcagtccc  | 2760 |
| cgcagaactg | cctgtggcgg | gccacttggc  | cccacctgaa | gaacgtgtta  | cgtcctcggc  | 2820 |
| tcttctgttg | ggggatggga | acacaaagct  | gtcgggtcgg | agaggtacac  | gtcctaatac  | 2880 |
| cttcttctac | agcaaaaacc | ccgaattgct  | cggggcttat | cggcgggtgtg | cagaagcctt  | 2940 |
| gggtgcaaag | gtgaaagcat | acgtccaccc  | gactacgggg | gtggttacac  | tgcgaaccct  | 3000 |
| cgtccacgt  | cctggagctc | aagatcctgt  | caaacgcctc | gttgtcgagg  | cgggaatggt  | 3060 |
| tgctaaagcc | gaagagaaga | gggtcccggg  | ggaggtgttt | cgttaccggc  | gtgaggcgtt  | 3120 |
| ggcccttttc | ttgggcccgt | tgttctcgac  | agacggctct | gttgaaaaga  | agaggatctc  | 3180 |
| ttattcaagt | gccagtttgg | gactggccca  | ggatgtcgca | catctcttgc  | tgcgccttgg  | 3240 |
| aattacatct | caactccgtt | cgcagggggc  | acgggctcac | gaggttctta  | tatcggggccg | 3300 |
| cgcagatatt | ttgcggtttg | ctgaacttat  | cggaccctac | ctcttggggg  | ccaagaggga  | 3360 |
| gagacttgca | gcgctggaag | ctgaggcccg  | caggcgtttg | cctggacagg  | gatggcactt  | 3420 |
| gcggcttggt | cttccctgcg | tggcgtacag  | agtgggcgag | gcggaaaggc  | gctcgggatt  | 3480 |
| ttcgtggagt | gaagccggtc | ggcgcgtcgc  | agttgcggga | tctgttttgt  | catctggact  | 3540 |
| caacctcaaa | ttgccagac  | gctacctttc  | tggcaccggg | ttgtcgtcgc  | tgggtgaggc  | 3600 |
| ttttgccgac | cctgggctgg | aagcgcctgc  | ggaaggccaa | gtgctctggg  | accctattgt  | 3660 |
| tgctgtcgaa | ccggccggta | aggcgagaac  | attcgacttg | cgcgttcac   | cctttgcaaa  | 3720 |
| cttcgtgagc | gaggacctgg | tgggtgcataa | caccgtcccc | ctggggccaa  | tgacaatcga  | 3780 |
| tggcgggacc | tacgacatct | ataggacgac  | acgcgtcaac | cagccttcca  | ttgtggggac  | 3840 |
| agccacgttc | gatcagtact | ggagcgtgcg  | cacctctaag | cggacttcag  | gaacagtgac  | 3900 |
| cgtgaccgat | cacttccgcg | cctgggcgaa  | ccggggcctg | aacctcggca  | caatagacca  | 3960 |
| aattacattg | tgcgtggagg | gttaccaaa   | ctctggatca | gccaaacatc  | cccagaacac  | 4020 |
| cttctctcag | ggctcttctt | ccggcagttc  | gggtggctca | tccggctcca  | caacgactac  | 4080 |
| tgcacatcag | tgtgagaaca | tgtccttgtc  | cggaccctac | gttagcagga  | tcaccaatcc  | 4140 |
| ctttaatggt | attgcgctgt | acgccaaacg  | agacacagcc | cgcgctaccg  | ttaacttccc  | 4200 |
| cgcagtcgc  | aactacaatt | tccgcctgcg  | gggttgccgg | aacaacaata  | atcttgcccg  | 4260 |
| tgtggacctg | aggatcgacg | gacggaccgt  | cgggaccttt | tattaccagg  | gcacataccc  | 4320 |
| ctgggaggcc | ccaattgaca | atgtttatgt  | cagtgcgggg | agtcatacag  | tgcgaatcac  | 4380 |
| tgttactgcg | gataacggca | catgggacgt  | gtatgccgac | tacctggtga  | tacagagcga  | 4440 |
| gaaggacgag | ctgtgacctt | ggtccccgaa  | tttccccgat | cgttcaaaca  | tttggcaata  | 4500 |

aagtttctta agattgaatc ctgttgccgg tcttgcatg attatcatat aatttctgtt 4560  
gaattacgtt aagcatgtaa taattaacat gtaatgcatg acgttattta tgagatgggt 4620  
ttttatgatt agagtcccg c aattatacat ttaatacgg atagaaaaca aaatatacg 4680  
cgcaaactag gataaattat cgcgcgcgg gtcatttatg ttactagatc gggaattgga 4740  
attc 4744

<210> 68  
<211> 4683  
<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, Casete de expresión en pAG2361 and pAG4004 - ZmUbi1P:mmUBQ:ZmKozak:BAASS:P77853-T134-100-101:SEKDEL:NosT

<400> 68

ggtaccctgc agtgcagcgt gacccggctc tgcctctctc tagagataat gagcattgca 60  
tgtctaagtt ataaaaaatt accacatatt tttttgtca cacttgtttg aagtgcagtt 120  
tatctatctt tatacatata tttaaacttt actctacgaa taatataatc tatagtacta 180  
caataatatc agtggttttag agaatacat aaatgaacag ttagacatgg tctaaaggac 240  
aattgagtat ttgacaaca ggactctaca gttttatctt tttagtgtgc atgtgttctc 300  
cttttttttt gcaaatagct tcacctatat aatacttcat ccattttatt agtacatcca 360  
tttaggggtt aggggttaatg gtttttatag actaattttt ttagtacatc tattttattc 420  
tatttttagcc tctaaattaa gaaaactaaa actctatttt agttttttta ttttaataatt 480  
tagatataaa atagaataaa ataaagtgc taaaaattaa acaaataccc ttttaagaaat 540  
taaaaaaact aaggaaacat ttttcttgtt tcgagtagat aatgccagcc tgttaaacgc 600  
cgtcgacgag tctaaccggac accaaccagc gaaccagcag cgtcgcgtcg ggccaagcga 660  
agcagacggc acggcatctc tgtcgctgcc tctggacccc tctcgagagt tccgctccac 720  
cgttggactt gctccgctgt cggcatccag aaattgcgtg gcggagcggc agacgtgagc 780  
cggcacggca ggcggcctcc tcctctctc acggcacggc agctacgggg gattcctttc 840  
ccaccgctcc ttcgctttcc ctctctcgcc cgccgtaata aatagacacc cctccacac 900  
cctctttccc caacctcgtg ttgttcggag cgcacacaca cacaaccaga tctccccc 960  
atccaccgt cggcacctcc gttcaaggt acgcccgtcg tcctccccc cccccctct 1020  
ctaccttctc tagatcggcg ttccggcca tggtagggc ccggtagttc tacttctgtt 1080  
catgtttgtg ttagatccgt gtttgtgtta gatccgtgt gctagcgttc gtacacggat 1140  
gcgacctgta cgtcagacac gttctgattg ctaacttgc agtggttctc tttggggaat 1200  
cctgggatgg ctctagcgt tccgcagacg ggatcgattt catgattttt tttgtttcgt 1260

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| tgcataagggt ttggtttgcc cttttccttt atttcaatat atgccgtgca cttgtttgtc | 1320 |
| gggtcatctt ttcattgcttt tttttgtctt gggtgtgatg atgtggtctg gttgggcggt | 1380 |
| cgttctagat cggagtagaa ttctgtttca aactacctgg tggatttatt aattttggat  | 1440 |
| ctgtatgtgt gtgccataca tattcatagt tacgaattga agatgatgga tggaaatatc  | 1500 |
| gatctaggat aggtatacat gttgatgcgg gttttactga tgcataatac gagatgcttt  | 1560 |
| ttgttcgctt gggtgtgatg atgtggtgtg gttgggcggt cgttcattcg ttctagatcg  | 1620 |
| gagtagaata ctgtttcaaa ctacctggtg tatttattaa ttttggaaact gtatgtgtgt | 1680 |
| gtcatacatc ttcatagtta cgagtttaag atggatggaa atatcgatct aggataggta  | 1740 |
| tacatgttga tgtgggtttt actgatgcac atacatgatg gcatatgcag catctattca  | 1800 |
| tatgctctaa ccttgagtac ctatctatta taataaacia gtatgtttta taattatttt  | 1860 |
| gatcttgata tacttggtatg atggcatatg cagcagctat atgtggattt ttttagccct | 1920 |
| gccttcatac gctatttatt tgcttggtac tgtttctttt gtcgatgctc accctgttgt  | 1980 |
| ttggtgttac ttctgcagat ccagatcgga tcctaaacca tggcgaacia acatttgtcc  | 2040 |
| ctctccctct tcctcgctct ccttgccctg tcggccagct tggcctccgg gcaaciaaca  | 2100 |
| agcattactc tgacatccaa cgcacccggt acgtttgacg gttactatta cgaactctgg  | 2160 |
| aaggatactg gcaatacaac aatgacggtc tacactcaag gtcgcttttc ctgccagtgg  | 2220 |
| tcgaacatca ataacgcgtt gtttaggacc gggaagaaat acaaccagaa ttggcagctc  | 2280 |
| cttggcacaa tccggatcac gtactctgcg acttacaacc caaacgggaa ctccacttg   | 2340 |
| tgtatctatg gctgggtctac caaccattg gtcgagttct acatcggtga gtcctggggg  | 2400 |
| aactggagac cgcctgggtc ctgcctggcc gagggctcgc tcgtcttgga cgcggctacc  | 2460 |
| gggcagaggg tccttatcga aaagggtcgt ccggggatgg aagttttctc cttgggacct  | 2520 |
| gattacagac tgtatcgggt gcccgttttg gaggtccttg agagcggggg tagggaagtt  | 2580 |
| gtgcgcctca gaactcggtc agggagaacg ctggtgttga caccagatca cccgcttttg  | 2640 |
| acccccgaag gttggaaacc tctttgtgac ctcccgttg gaactccaat tgcagtcccc   | 2700 |
| gcagaactgc ctgtggcggg ccacttgccc ccacctgaag aacgtgttac gtcctggct   | 2760 |
| cttctgttgg gggatgggaa caciaagctg tcgggtcgga gaggtacacg tcctaagcc   | 2820 |
| ttcttctaca gcaaaaaccc cgaattgctc gcggcttacc gccggtgtgc agaagccttg  | 2880 |
| ggtgcaaagg tgaaagcata cgtccaccgg actacggggg tggttacact cgcaaccctc  | 2940 |
| gctccacgtc ctggagctca agatcctgtc aaacgcctcg ttgtcgagge gggaatggtt  | 3000 |
| gctaaagccg aagagaagag ggtcccggag gaggtgtttc gttaccggcg tgaggcggtg  | 3060 |
| gcccttttct tgggcccgtt gttctcgaca gacggctctg ttgaaaagaa gaggatctct  | 3120 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| tattcaagtg coagtttggg actggccag gatgtgcac atctcttgc ggccttga       | 3180 |
| attacatctc aactccgttc gagaggcca cgggctcac aggttcttat atcgggcgc     | 3240 |
| gaggatattt tgcggtttgc tgaacttatc ggaccctacc tcttgggggc caagaggag   | 3300 |
| agacttgacg cgtggaagc tgaggccgc aggcgtttgc ctggacagg atggcacttg     | 3360 |
| cggcttggtc ttctgcccgt ggcgtacaga gtgggcgagg ctgaaaggcg ctgggattt   | 3420 |
| tctgggagtg aagccggtcg gcgcgtcgca gttgcgggat cgtgtttgtc atctggactc  | 3480 |
| aacctcaaatt tgcacagac ctacctttct cggcaaccgt tgcgtctgct cgtgaggct   | 3540 |
| tttgccgacc ctgggctgga agcgtctgc gaaggccaag tgcctctgga cctattgtt    | 3600 |
| gctgtcgaaac cggccggtta ggcgagaaca ttgcacttgc gcgttccacc ctttgcaaac | 3660 |
| ttcgtgagcg aggacctggt ggtgcataac accgtcccc tgggccaagt gacaatcgat   | 3720 |
| ggcgggacct acgacatcta taggacgaca cgcgtcaacc agccttccat tgtggggaca  | 3780 |
| gccacgttcg atcagtactg gagcgtgcgc acctctaagc ggacttcagg aacagtgacc  | 3840 |
| gtgaccgatc acttccgcgc ctgggcgaac cggggcctga acotcggcac aatagacaa   | 3900 |
| attacattgt gctggagggt ttaccaaagc tctggatcag ccaacatcac ccagaacacc  | 3960 |
| ttctctcagg gctcttcttc cggcagttcg ggtggctcat ccggctccac aacgactact  | 4020 |
| cgcctcgagt gtgagaacat gtccttgctc ggaccctacg ttagcaggat caccaatccc  | 4080 |
| tttaatggtt ttgcgctgta cgccaacgga gacacagccc gcgctaccgt taacttcccc  | 4140 |
| gcaagtcgca actacaattt ccgcctgcgg ggttgcgga acaacaataa tcttgcccgt   | 4200 |
| gtggacotga ggatcgacgg acggacogtc gggacctttt attaccaggg cacatacccc  | 4260 |
| tgggaggccc caattgacaa tgtttatgtc agtgcgggga gtcatacagt cgaaatcact  | 4320 |
| gttactgcgg ataacggcac atgggacgtg tatgcogact acotggtgat acagagcgag  | 4380 |
| aaggacgagc tgtgacctag gtccccgaat ttccccgatc gttcaaacat ttggcaataa  | 4440 |
| agtttcttaa gattgaatcc tgttgccggt cttgcgatga ttatcatata atttctgttg  | 4500 |
| aattacgtta agcatgtaat aattaacatg taatgcatac cgttatttat gagatgggtt  | 4560 |
| tttatgatta gagtcccgca attatacatt taatacgga tagaaaacaa aatatacggc   | 4620 |
| gcaaactagg ataaattatc gcgcgcggtg tcatctatgt tactagatcg ggaattggaa  | 4680 |
| ttc                                                                | 4683 |

<210> 69

<211> 10146

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Construcción sintética, pAG4000

<400> 69

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| aattcctgca gtgcagcgtg acccggctcgt gccctctct agagataatg agcattgcat   | 60   |
| gtctaagtta taaaaaatta ccacatatat tttttgtcac acttgtttga agtgcagttt   | 120  |
| atctatcttt atacatatat ttaaacttta ctctacgaat aatataatct atagtactac   | 180  |
| aataatatca gtgtttttaga gaatcatata aatgaacagt tagacatggg cttaaaggaca | 240  |
| attgagtatt ttgacaacag gactctacag ttttatcttt ttagtgtgca tgtgttctcc   | 300  |
| tttttttttg caaatagctt cacctatata atacttcac ctttttatta gtacatccat    | 360  |
| ttagggttta ggggttaatg tttttataga ctaatttttt tagtacatct attttattct   | 420  |
| atttttagct cttaaattaag aaaactaaaa ctctatttta gtttttttat ttaataattt  | 480  |
| agatatataa tagaataaaa taaagtgact aaaaattaaa caaataacct ttaagaaatt   | 540  |
| aaaaaaacta aggaacatt tttcttggtt cgagtagata atgccagcct gttaaacgcc    | 600  |
| gtcgacgagt ctaacggaca ccaaccagcg aaccagcagc gtcgcgtcgg gccaagcgaa   | 660  |
| gcagacggca cggcatctct gtcgctgct ctggacctct ctcgagagtt ccgctccacc    | 720  |
| gttggaactg ctccgctgtc ggcatccaga aattgcgtgg cggagcggca gacgtgagcc   | 780  |
| ggcacggcag gcggcctcct cctcctctca cggcacggca gctacggggg attcctttcc   | 840  |
| caccgctcct tcgctttccc ttctctgccc gccgtaataa atagacaccc cctccacacc   | 900  |
| ctctttcccc aacctcgtgt tgttcggagc gcacacacac acaaccagat ccccccaaa    | 960  |
| tccacccgct gccacctccg cttcaaggta cgcgctcgt cctccccccc cccccctctc    | 1020 |
| taccttctct agatcggcgt tccggtccat ggttagggcc cggtagttct acttctgttc   | 1080 |
| atgttttgtt tagatccgtg tttgtgttag atccgtgctg ctagcgttcg tacacggatg   | 1140 |
| cgaacctgtac gtcagacacg ttctgattgc taacttgcca gtgtttctct ttggggaatc  | 1200 |
| ctgggatggc tctagccgtt ccgcagacgg gatcgatttc atgatttttt ttgtttcgtt   | 1260 |
| gcataggggt tggtttgccc ttttccttta tttcaatata tgccgtgcac ttgtttgtcg   | 1320 |
| ggcatctctt tcatgctttt ttttgtcttg gttgtgatga tgtggtctgg ttgggcggtc   | 1380 |
| gttctagatc ggagtagaat tctgtttcaa actacctggt ggatttatta attttggatc   | 1440 |
| tgtatgtgtg tgccatacat attcatagtt acgaattgaa gatgatggat ggaaatatcg   | 1500 |
| atctaggata ggtatacatg ttgatgcggg ttttactgat gcatatacag agatgctttt   | 1560 |
| tgttcgcttg gttgtgatga tgtggtgtgg ttgggcggtc gttcatctgt tctagatcgg   | 1620 |
| agtagaatac tgtttcaaac tacctggtgt atttattaat tttggaactg tatgtgtgtg   | 1680 |
| tcatacatct tcatagttac gagtttaaga tggatggaaa tatcgatcta ggataggtat   | 1740 |
| acatgttgat gtgggtttta ctgatgcata tacatgatgg catatgcagc atctattcat   | 1800 |
| atgctctaac cttgagtacc tatctattat aataaacaag tatgttttat aattattttg   | 1860 |

|             |             |             |             |            |             |      |
|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|------|
| atcttgatat  | acttggaatga | tggcatatgc  | agcagctata  | tgtggatttt | tttagccctg  | 1920 |
| ccttcatacg  | ctattttattt | gcttggtact  | gtttcttttg  | tcgatgctca | ccctgttggt  | 1980 |
| tggtgttact  | tctgcagatg  | cagaaactca  | ttaactcagt  | gcaaaactat | gcctggggca  | 2040 |
| gcaaaacggc  | gttgactgaa  | ctttatggta  | tggaaaatcc  | gtccagccag | ccgatggccg  | 2100 |
| agctgtggat  | gggcgcacat  | ccgaaaagca  | gttcacgagt  | gcagaatgcc | gccggagata  | 2160 |
| tcgtttcact  | gcgtgatgtg  | attgagagtg  | ataaatcgac  | tctgctcgga | gaggccgttg  | 2220 |
| ccaaacgctt  | tggcgaactg  | cctttcctgt  | tcaaagtatt  | atgcgcagca | cagccactct  | 2280 |
| ccattcaggt  | tcattccaaac | aaacacaatt  | ctgaaatcgg  | ttttgccaaa | gaaaatgccg  | 2340 |
| caggtatccc  | gatggatgcc  | gccgagcgtg  | actataaaga  | tcctaaccac | aagccggagc  | 2400 |
| tggtttttgc  | gctgacgcct  | ttccttgcca  | tgaacgcgtt  | tcgtgaattt | tccgagattg  | 2460 |
| tctccctact  | ccagccggtc  | gcaggtgcac  | atccggcgat  | tgcctcactt | ttacaacagc  | 2520 |
| ctgatgccga  | acgtttaagc  | gaactgttcg  | ccagcctggt  | gaatatgcag | ggtgaagaaa  | 2580 |
| aatcccgcgc  | gctggcgatt  | ttaaaatcgg  | ccctcgatag  | ccagcagggt | gaaccgtggc  | 2640 |
| aaacgattcg  | tttaatttct  | gaattttacc  | cggaagacag  | cggtctgttc | tccccgctat  | 2700 |
| tgctgaatgt  | ggtgaaattg  | aaccctggcg  | aagcgatggt  | cctgttcgct | gaaacaccgc  | 2760 |
| acgcttacct  | gcaaggcgtg  | gcgctggaag  | tgatggcaaa  | ctccgataac | gtgctgcgtg  | 2820 |
| cgggtctgac  | gcctaaatac  | attgatattc  | cggaactggt  | tgccaatgtg | aaattcgaag  | 2880 |
| ccaaaccggc  | taaccagttg  | ttgaccagc   | cgggtgaaaca | aggtgcagaa | ctggacttcc  | 2940 |
| cgattccagt  | ggatgatattt | gccttctcgc  | tgcattgacct | tagtgataaa | gaaaccacca  | 3000 |
| ttagccagca  | gagtgcgcgc  | atcttcttct  | gcgtcgaagg  | cgatgcaacg | ttgtggaaaag | 3060 |
| gttctcagca  | gttacagctt  | aaaccgggtg  | aatcagcgtt  | tattgccgcc | aacgaatcac  | 3120 |
| cgggtgactgt | caaaggccac  | ggcgttttag  | cgctgtgtta  | caacaagctg | taagagctta  | 3180 |
| ctgaaaaaat  | taacatctct  | tgctaagctg  | ggagctctag  | atccccgaat | ttccccgatac | 3240 |
| gttcaaacat  | ttggcaataa  | agtttcttaa  | gattgaatcc  | tgttgccggt | cttgcgatga  | 3300 |
| ttatcatata  | atcttctgtt  | aattacgtta  | agcatgtaat  | aattaacatg | taatgcatga  | 3360 |
| cgttatttat  | gagatgggtt  | tttatgatta  | gagtcccgca  | attatacatt | taatacgcga  | 3420 |
| tagaaaacaa  | aatatagcgc  | gcaaaactagg | ataaattatc  | gcgcgcgggt | tcattctatgt | 3480 |
| tactagatcg  | ggaattggcg  | agctcgaatt  | aattcagtag  | attaaaaacg | tccgcaatgt  | 3540 |
| gttattaagt  | tgtctaagcg  | tcaatttgtt  | tacaccacaa  | tatatcctgc | caccagccag  | 3600 |
| ccaacagctc  | cccgaacggc  | agctcggcac  | aaaatcacca  | ctcgatacag | gcagcccatc  | 3660 |
| agtcggggac  | ggcgtcagcg  | ggagagccgt  | tgttaaggcg  | cagactttgc | tcattgttacc | 3720 |
| gatgctattc  | ggaagaacgg  | caactaagct  | gccgggtttg  | aaacacggat | gatctcgcgg  | 3780 |

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| agggtagcat gttgattgta acgatgacag agcgttgctg cctgtgatca aatatcatct   | 3840 |
| ccctcgcaga gatccgaatt atcagccttc ttattcattt ctgccttaac cgtgacaggc   | 3900 |
| tgctgatctt gagaactatg ccgacataat aggaaatcgc tggataaagc cgctgaggaa   | 3960 |
| gctgagtggc gctatttctt tagaagtga cgttgacgat cgtcgaccgt accccgatga    | 4020 |
| attaattcgg acgtacgttc tgaacacagc tggatactta cttgggcgat tgtcatacat   | 4080 |
| gacatcaaca atgtaccgtt ttgtgtaacc gtctcttgga ggttcgtatg acactagtgg   | 4140 |
| ttcccctcag cttgcgacta gatgttgagg cctaacattt tattagagag caggctagtt   | 4200 |
| gcttagatac atgatcttca ggccgttata tgtcagggca agcgaaaatt ggccatttat   | 4260 |
| gacgaccaat gcccgcaga agctcccatc tttgccgcca tagacgccgc gcccccttt     | 4320 |
| tggggtgtag aacatccttt tgccagatgt ggaaaagaag ttcgttgtcc cattgttggc   | 4380 |
| aatgacgtag tagccggcga aagtgcgaga cccatttgcg ctatatataa gcctacgatt   | 4440 |
| tccgttgcca ctattgtcgt aattggatga actattatcg tagttgctct cagagttgtc   | 4500 |
| gtaatttgat ggactattgt cgtaattgct tatggagttg tcgtagtgtc ttggagaaat   | 4560 |
| gtcgtagtgt gatggggagt agtcataggg aagacgagct tcatccacta aaacaattgg   | 4620 |
| caggtcagca agtgccctgcc ccgatgccat cgcaagtacg aggcttagaa ccacctcaa   | 4680 |
| cagatcgcgc atagtcttcc ccagctctct aacgcttgag ttaagccgcg ccgcgaagcg   | 4740 |
| gcgtcggctt gaacgaattg ttagacatta tttgccgact accttggtga tctcgccttt   | 4800 |
| cacgtagtga acaaattctt ccaactgac tgccgcgcgag gccaaagcgat cttcttgctc  | 4860 |
| aagataagcc tgccctagctt caagtatgac gggctgatac tgggcccggca ggcgctccat | 4920 |
| tgcccagtcg gcagcgacat ccttcggcgc gattttgccg gttactgcgc tgtaccaa     | 4980 |
| gcgggacaac gtaagcacta catttcgctc atcgccagcc cagtcgggcg gcgagttcca   | 5040 |
| tagcgttaag gtttcattta gcgcctcaaa tagatcctgt tcaggaaccg gatcaaagag   | 5100 |
| ttcctccgcc gctggaccta ccaaggcaac gctatgttct cttgcttttg tcagcaagat   | 5160 |
| agccagatca atgtcgatcg tggttggtc gaagatacct gcaagaatgt cattgcgctg    | 5220 |
| ccattctcca aattgcagtt cgcgcttagc tggataacgc cacggaatga tgtcgtcgtg   | 5280 |
| cacaacaatg gtgacttcta cagcgcggag aatctcgctc tctccagggg aagccgaagt   | 5340 |
| ttccaaaagg tcgttgatca aagctcgccg cgttgtttca tcaagcctta cggtcaccgt   | 5400 |
| aaccagcaaa tcaatatcac tgtgtggctt caggccgcca tccactgcgg agccgtacaa   | 5460 |
| atgtacggcc agcaacgtcg gttcgagatg gcgctcgatg acgccaacta cctctgatag   | 5520 |
| ttgagtcgat acttcggcga tcaccgcttc cctcatgatg ttttaactct gaattaagcc   | 5580 |
| gcgcgcgcaa gcggtgtcgg cttgaatgaa ttgttaggcg tcatcctgtg ctcccgagaa   | 5640 |

ccagtaccag tacatcgctg ttctggtcga gacttgaggt ctagttttat acgtgaacag 5700  
gtcaatgccg ccgagagtaa agccacattt tgcgtacaaa ttgcaggcag gtacattggt 5760  
cgtttgtgtc tctaatacgt tgcgaaggag ctgtctgctt agtgcccact ttttcgcaaa 5820  
ttcgatgaga ctgtgcgcga ctcccttgcc tcgggtgcgtg tgcgacacaa caatgtgttc 5880  
gatagaggct agatcggtcc atgttgagtt gagttcaatc ttcccacaaa gctcttggtc 5940  
gatgaatgcg ccatagcaag cagagtcctc atcagagtca tcatccgaga tgtaatcctt 6000  
ccggtagggg ctccacttcc tggtagatag ttcaaagcct tggtcggata ggtgcacatc 6060  
gaacacttca cgaacaatga aatggttctc agcatccaat gtttcggcca cctgctcagg 6120  
gatcacggaa atcttcatat gacgcctaac gcctggcaca gcggatcgca aacctggcgc 6180  
ggcttttggc acaaaaggcg tgacagggtt gcgaatccgt tgctgccact tgtaaccctt 6240  
tttgccagat ttggttaacta taatttatgt tagaggcgaa gtcttgggta aaaactggcc 6300  
taaaattgct ggggatttca ggaaagtaaa catcaccttc cggctcgatg tctattgtag 6360  
atatatgtag tgtatctact tgatcggggg atctgctgcc tcgcgcgttt cgggtgatgac 6420  
ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtc cagcttgtct gtaagcggat 6480  
gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg ttggcgggtg tcggggcgca 6540  
gccatgacct agtcacgtag cgatagcggg gtgtatactg gcttaactat gcggcatcag 6600  
agcagattgt actgagagtg caccatatgc ggtgtgaaat accgcacaga tgcgtaagga 6660  
gaaaataccg catcaggcgc tcttcgcctt cctcgctcac tgactcgctg cgctcggctg 6720  
ttcggctgcg gcgagcggta tcagctcact caaaggcggg aatacgggta tccacagaat 6780  
caggggataa cgcaggaaag aacatgtgag caaaaggcca gcaaaaggcc aggaaccgta 6840  
aaaaggccgc gttgctggcg tttttccata ggctccgccc ccctgacgag catcacaaaa 6900  
atcgacgctc aagtcagagg tggcgaaacc cgacaggact ataaagatac caggcgtttc 6960  
cccctggaag ctccctcgct cgctctcctg ttccgacct gccgcttacc ggatacctgt 7020  
ccgcctttct cccttcggga agcgtggcgc tttctcatag ctacgctgt aggtatctca 7080  
gttcgggtgta ggtcgttcgc tccaagctgg gctgtgtgca cgaaccccc gttcagcccg 7140  
accgctgcgc cttatccggt aactatcgtc ttgagtcaa cccggtaga cagcacttat 7200  
cgccactggc agcagccact ggtaacagga ttagcagagc gaggtatgta ggcggtgcta 7260  
cagagttctt gaagtgggtg cctaactacg gotacactag aaggacagta tttggtatct 7320  
gcgctctgct gaagccagtt accttcggaa aaagagttgg tagctcttga tccggcaaac 7380  
aaaccaccgc tggtagcggg ggtttttttg tttgcaagca gcagattacg cgcagaaaaa 7440  
aaggatctca agaagatcct ttgatctttt ctacggggtc tgacgctcag tggaacgaaa 7500  
actcaggtta agggattttg gtcattgagat tatcaaaaag gatcttcacc tagatccttt 7560

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| taaattaaaa atgaagtttt aaatcaatct aaagtatata tgagtaaact tgggtctgaca | 7620 |
| gttaccaatg cttaatcagt gaggcaccta tctcagcgat ctgtctatctt cgttcatcca | 7680 |
| tagttgcctg actccccgtc gtgtagataa ctacgatacg ggagggttta ccactctggcc | 7740 |
| ccagtgcctg aatgataccg cgagacccac gctcaccggc tccagattta tcagcaataa  | 7800 |
| accagccagc cggaaggggc gagcgagaa gtggtcctgc aactttatcc gcctccatcc   | 7860 |
| agtctattaa ttgttgccgg gaagctagag taagtagttc gccagttaat agtttgcgca  | 7920 |
| acgttggtgc cattgctgca gggggggggg gggggggggtt ccattgttca ttccacggac | 7980 |
| aaaaacagag aaaggaaacg acagaggcca aaaagctcgc ttccagcacc tgtcgtttcc  | 8040 |
| tttcttttca gagggatattt taaataaaaa cattaagtta tgacgaagaa gaacggaac  | 8100 |
| gccttaaacg ggaattttt cataaatagc gaaacccgc gaggtcgccg ccccgtaacc    | 8160 |
| tgtcggatca ccggaaggga cccgtaaagt gataatgatt atcatctaca tatcacaacg  | 8220 |
| tgcgtggagg ccatcaaacc acgtcaaata atcaattatg acgcaggat cgtattaatt   | 8280 |
| gatctgcac aacttaacgt aaaaacaact tcagacaata caaatcagcg aactgaata    | 8340 |
| cggggcaacc tcatgtcccc ccccccccc cctgcaggc atcgtggtgt cacgctcgtc    | 8400 |
| gtttggtatg gcttcattca gctccggttc ccaacgatca aggcgagtta catgatcccc  | 8460 |
| catgttgtgc aaaaaagcgg ttagctcctt cggtcctccg atcgttgtca gaagtaagtt  | 8520 |
| ggccgcagtg ttatcactca tggttatggc agcactgcat aattctctta ctgtcatgcc  | 8580 |
| atccgtaaga tgcttttctg tgactggtga gtactcaacc aagtcattct gagaatagtg  | 8640 |
| tatgcgcgca ccgagttgct cttgcccggc gtcaacacgg gataataccg cgccacatag  | 8700 |
| cagaacttta aaagtgtca tcattggaaa acgttcttcg gggcgaaaac tctcaaggat   | 8760 |
| cttaccgctg ttgagatcca gttcgatgta acccaactcg gcacccaact gatcttcagc  | 8820 |
| atcttttact ttcaccagcg tttctgggtg agcaaaaaa ggaaggcaaa atgccgcaaa   | 8880 |
| aaagggaata agggcgacac ggaaatgttg aatactcata ctcttccttt ttcaatatta  | 8940 |
| ttgaagcatt tatcagggtt attgtctcat gagcggatac atatttgaat gtatttagaa  | 9000 |
| aaataaacia atagggttgc cgcgcacatt tccccgaaa gtgccacctg acgtctaaga   | 9060 |
| aaccattatt atcatgacat taacctataa aaataggcgt atcacgaggc ctttctgtct  | 9120 |
| tcaagaattg gtgcacgac ttgtgcgtt cggatatttt cgtggagtgc ccgccacaga    | 9180 |
| cccgattga aggcgagatc cagcaactcg cgccagatca tcctgtgacg gaactttggc   | 9240 |
| gcgtgatgac tggccaggac gtggccgcaa agagcgacaa gcagatcacg cttttcgaca  | 9300 |
| gcgtcggatt tgcgatcgag gatcttttcg cgtgcgcta cgtccgcgac cgcgttgagg   | 9360 |
| gatcaagcca cagcagccca ctogaccttc tagccgaccc agacgagcca agggatcttt  | 9420 |

|                                                                   |       |
|-------------------------------------------------------------------|-------|
| ttggaatgct gctccgtcgt caggctttcc gacgtttggg tgggtgaaca gaagtcatta | 9480  |
| tcgcacggaa tgccaagcac tcccagggg aaccctgtgg ttggcatgca catacaaatg  | 9540  |
| gacgaacgga taaacctttt cagccctttt taaatatccg attattctaa taaacgctct | 9600  |
| tttctcttag gtttaccgc caatatatcc tgtcaaacac tgatagttaa aactgaaggc  | 9660  |
| gggaaacgac aacctgatca tgagcggaga attaagggag tcacgttatg acccccgccg | 9720  |
| atgacgcggg acaagccgtt ttacgtttgg aactgacaga accgcaacgt tgaaggagcc | 9780  |
| actcagctta attaagtcta actcgagtta ctggtacgta ccaaaccat ggaatcaagg  | 9840  |
| taccatcaat cccgggtatt catcctaggt cccgaattt ccccgatcgt tcaaacattt  | 9900  |
| ggcaataaag tttcttaaga ttgaatcctg ttgccggtct tgcgatgatt atcatataat | 9960  |
| ttctgttgaa ttacgttaag catgtaataa ttaacatgta atgcatgacg ttatttatga | 10020 |
| gatgggtttt tatgattaga gtcccgaat tatacattta atacgcgata gaaaacaaaa  | 10080 |
| tatagcgcgc aaactaggat aaattatcgc gcgcggtgtc atctatgtta ctagatcggg | 10140 |
| aattgg                                                            | 10146 |

<210> 70  
 <211> 14622  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética, pAG2361

<400> 70

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| ctagggtccc gaatttccc gatcgttcaa acatttggca ataaagtctt ttaagattga   | 60  |
| atcctgttgc cggctcttgc atgattatca tataatttct gttgaattac gttaagcatg  | 120 |
| taataattaa catgtaatgc atgacgttat ttatgagatg ggtttttatg attagagtcc  | 180 |
| cgcaattata catttaatac gcgatagaaa acaaaatata gcgcgcaaac taggataaat  | 240 |
| tatcgcggc ggtgtcatct atgttactag atcgggaatt ggaattcata cttaaagcttg  | 300 |
| catgcctgca ggtcgactct agtaacggcc gccagtgtgc tggaaattaat toggcttgtc | 360 |
| gaccacccaa ccccatatcg acagaggatg tgaagaacag gtaaatcacg cagaagaacc  | 420 |
| catctctgat agcagctatc gattagaaca acgaatccat attgggtccg tgggaaatac  | 480 |
| ttactgcaca ggaagggggc gatctgacga ggccccgcc cggcctcga cccgaggccg    | 540 |
| aggccgacga agcgcggcg agtacggcg cgcgggcgcc tctgcccgtg cccctcgcgc    | 600 |
| gtgggagggg gagggcgcgg tgggtggggc gcgcgcgcgc gcgcgcgcag ctggtgcggc  | 660 |
| ggcgcggggg tcagccgcc agccggcggc gacggaggag cagggcggcg tggacgcgaa   | 720 |
| cttccgatcg gttggtcaga gtgcgcgagt tgggcttagc caattaggtc tcaacaatct  | 780 |
| attgggccgt aaaattcatg ggccctggtt tgtctaggcc caatatcccg ttcatttcag  | 840 |

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| cccacaaata tttccccaga ggattattaa ggcccacacg cagcttatag cagatcaagt   | 900  |
| acgatgtttc ctgatcgttg gatcggaac gtacggctct gatcaggcat gccgacttcg    | 960  |
| tcaaagagag gcgccatgac ctgacgcgga gttggttccg ggcaccgtct ggatggctgt   | 1020 |
| accgggaccg gacacgtgtc gcgcctccaa ctacatggac acgtgtggtg ctgccattgg   | 1080 |
| gcggtacgag tggcggtgac cgcaccggat gctgcctcgc accgccttgc ccacgcttta   | 1140 |
| tatagagagg tttctctctc attaatcgca tagcgagtcg aatcgaccga aggggagggg   | 1200 |
| gagcgaagct ttgcgttctc taatcgctc gtcaaggtaa ctaatcaatc acctcgctct    | 1260 |
| aatcctcgaa tctctcgttg tgcccgctc atctcgcgat tttgatgtc gtgggtgaaa     | 1320 |
| gcgtaggagg atcccgctgc agttagtctc aatctctcag ggtttcgtgc gatttttaggg  | 1380 |
| tgatccacct cttaatcgag ttacggtttc gtgcgatttt agggtaatcc tcttaatctc   | 1440 |
| tcattgattt agggtttctg gagaatcgag gtagggatct gtgttattta tatcgatcta   | 1500 |
| atagatggat tggttttgag attgttctgt cagatgggga ttgtttcgat atattacct    | 1560 |
| aatgatgtgt cagatgggga ttgtttcgat atattacct aatgatgtgt cagatgggga    | 1620 |
| ttgtttcgat atattacct aatgatggat aataagagta gttcacagtt atgttttgat    | 1680 |
| cctgccacat agtttgagtt ttgtgatcag atttagtttt acttatttgt gcttagttcg   | 1740 |
| gatgggattg ttctgatatt gttccaatag atgaatagct cgttaggtta aaatctttag   | 1800 |
| gttgagttag gcgacacata gtttatttcc tctggatttg gattggaatt gtgttcttag   | 1860 |
| tttttttccc ctggatttg attggaattg tgtggagctg ggtagagaa ttacatctgt     | 1920 |
| atcgtgtaca cctacttgaa ctgtagagct tgggttctaa ggtcaattta atctgtattg   | 1980 |
| tatctggctc ttgcttagt tgaactgtag tgctgatgtt gtactgtgtt tttttaccg     | 2040 |
| ttttatttgc tttactctg caaatcaaat ctgtcagatg ctagaactag gtggctttat    | 2100 |
| tctgtgttct tacatagatc tgttgctctg tagttactta tgtcagtttt gttattatct   | 2160 |
| gaagatatatt ttggttggtg cttgttgatg tgggtgtgagc tgtgagcagc gctottatga | 2220 |
| ttaatgatgc tgtccaattg tagtgtagta tgatgtgatt gatatgttca tctattttga   | 2280 |
| gctgacagta ccgatatcgt aggatctggt gccaaacttat tctccagctg ctttttttta  | 2340 |
| cctatgttaa ttccaatcct ttcttgctc ttccagatcc agataatgca gaaactcatt    | 2400 |
| aactcagtgc aaaactatgc ctggggcagc aaaacggcgt tgactgaact ttatggtatg   | 2460 |
| gaaaatccgt ccagccagcc gatggccgag ctgtggatgg gcgcacatcc gaaaagcagt   | 2520 |
| tcacgagtgc agaatgccgc cggagatatc gtttcaactgc gtgatgtgat tgagagtgat  | 2580 |
| aaatcgactc tgctcggaga ggccgttgcc aaacgctttg gcgaaactgcc tttcctgttc  | 2640 |
| aaagtattat gcgcagcaca gccactctcc attcaggttc atccaaacaa acacaattct   | 2700 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gaaatcgggtt ttgccaaaga aaatgccgca ggtatcccga tggatgccgc cgagcgtaac | 2760 |
| tataaagatc ctaaccacaa gccggagctg gtttttgcgc tgacgccttt ccttgcgatg  | 2820 |
| aacgcgtttc gtgaattttc cgagattgtc tccctactcc agccggtcgc aggtgcacat  | 2880 |
| ccggcgattg ctcaactttt acaacagcct gatgccgaac gtttaagcga actgttcgcc  | 2940 |
| agcctgttga atatgcaggg tgaagaaaaa tcccgcgcgc tggcgatttt aaaatcggcc  | 3000 |
| ctcgatagcc agcagggtga accgtggcaa acgattcgtt taatttctga attttaccgc  | 3060 |
| gaagacagcg gtctgttctc cccgctattg ctgaatgtgg tgaaattgaa ccctggcgaa  | 3120 |
| gcgatgttcc tgttcgctga aacaccgcac gcttacctgc aaggcgtggc gctggaagtg  | 3180 |
| atggcaaaact ccgataacgt gctgcgtgcg ggtctgacgc ctaaatacat tgatattccg | 3240 |
| gaactggttg ccaatgtgaa attcgaagcc aaaccggcta accagtgtt gaccagccg    | 3300 |
| gtgaaacaag gtgcagaact ggacttcccg attccagtgg atgattttgc cttctcgtg   | 3360 |
| catgacctta gtgataaaga aaccaccatt agccagcaga gtgccgccat tttgttctgc  | 3420 |
| gtcgaaggcg atgcaacgtt gtggaaagggt tctcagcagt tacagcttaa accgggtgaa | 3480 |
| tcagcgttta ttgccgccaa cgaatcaccg gtgactgtca aaggccacgg ccgttttagcg | 3540 |
| cgtgtttaca acaagctgta agagcttact gaaaaaatta acatctcttg ctaagctggg  | 3600 |
| agctctagat ccccgattt ccccgatcgt tcaaacattt ggcaataaag tttcttaaga   | 3660 |
| ttgaatcctg ttgccggctc tgcgatgatt atcatataat ttctgttgaa ttacgttaag  | 3720 |
| catgtaataa ttaacatgta atgcatgacg ttatttatga gatgggtttt tatgattaga  | 3780 |
| gtcccgcgaat tatacattta atacgcgata gaaaacaaaa tatagcgcgc aaactaggat | 3840 |
| aaattatcgc gcgcggtgtc atctatgtta ctagatcggg aattggcgag ctccaattaa  | 3900 |
| ttcagtacat taaaaacgtc cgcaatgtgt tattaagttg tctaagcgtc aatttgttta  | 3960 |
| caccacaata tatcctgcc aagccagcc aacagctccc cgaccggcag ctccgcacaa    | 4020 |
| aatcaccact cgatacaggc agcccatcag tccgggacgg cgtcagcggg agagccgttg  | 4080 |
| taaggcggca gactttgctc atgttaccga tgctattcgg aagaacggca actaagctgc  | 4140 |
| cgggtttgaa acacggatga tctcgcggag ggtagcatgt tgattgtaac gatgacagag  | 4200 |
| cgttgctgcc tgtgatcaaa tatcatctcc ctgcagaga tccgaattat cagccttctt   | 4260 |
| attcatttct cgcttaaccg tgacaggctg tcatcttga gaactatgcc gacataatag   | 4320 |
| gaaatcgcgtg gataaagccg ctgaggaagc tgagtggcgc tatttcttta gaagtgaacg | 4380 |
| ttgacgatcg tcgaccgtac cccgatgaat taattcggac gtacgttctg aacacagctg  | 4440 |
| gatacttact tggcgattg tcatacatga catcaacaat gtaccgctt gtgtaaccgt    | 4500 |
| ctcttgaggg ttctgtatgac actagtgtt cccctcagct tgcgactaga tgttgaggcc  | 4560 |
| taacatttta ttagagagca ggctagtgtc ttagatacat gatcttcagg ccgttatctg  | 4620 |

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| tcagggcaag cgaaaattgg ccatttatga cgaccaatgc cccgcagaag ctcccatctt   | 4680 |
| tgccgccata gacgcgcgcg cccctttttg ggggtgtagaa catccttttg ccagatgtgg  | 4740 |
| aaaagaagtt cgttgtccca ttgttgga tgaagtagta gccggcgaaa gtgcgagacc     | 4800 |
| catttgcgct atatataagc ctacgatttc cgttgcgact attgtcgtaa ttggatgaac   | 4860 |
| tattatcgta gttgctctca gagttgtcgt aatttgatgg actattgtcg taattgctta   | 4920 |
| tggagttgtc gtagttgctt ggagaaatgt cgtagttgga tggggagtag tcatagggaa   | 4980 |
| gacgagcttc atccactaaa acaattggca ggtcagcaag tgcctgcccc gatgccatcg   | 5040 |
| caagtacgag gcttagaacc accttcaaca gatcgcgcat agtcttcccc agctctctaa   | 5100 |
| cgcttgagtt aagccgcgcg gcgaagcggc gtcggcttga acgaattgtt agacattatt   | 5160 |
| tgccgactac cttggtgata tcgcctttca cgtagtgaac aaattcttcc aactgatctg   | 5220 |
| cgcgcgaggc caagcgatct tcttgtccaa gataagcctg cctagcttca agtatgacgg   | 5280 |
| gctgatactg ggccggcagg cgctccattg cccagtcggc agcgacatcc ttccggcgga   | 5340 |
| ttttgccggt tactgcgctg taccaaatgc gggacaacgt aagcactaca ttctgctcat   | 5400 |
| cgccagccca gtcggggcggc gagttccata gcgttaagggt ttcathtagc gcctcaaata | 5460 |
| gatcctgttc aggaaccgga tcaaagagtt cctccgcgcg tggacctacc aaggcaacgc   | 5520 |
| tatgttctct tgcttttgc agcaagatag ccagatcaat gtcgatcgtg gctggctcga    | 5580 |
| agatacctgc aagaatgtca ttgcgctgcc attctccaaa ttgcagttcg cgcttagctg   | 5640 |
| gataacgcca cggaatgatg tcgtcgtgca caacaatggt gacttctaca gcgcggagaa   | 5700 |
| tctcgtcttc tccaggggaa gccgaagttt ccaaagggtc gttgatcaaa gctcgccgcg   | 5760 |
| ttgtttcatc aagccttacg gtcaccgtaa ccagcaaacc aatatcactg tgtggcttca   | 5820 |
| ggccgccatc cactgcggag ccgtacaaat gtacggccag caacgtcgggt tcgagatggc  | 5880 |
| gctcgatgac gccaaactacc tctgatagtt gagtcgatac ttccggcgatc accgcttccc | 5940 |
| tcatgatgtt taactctga attagccgc gccgcgaagc ggtgtcggct tgaatgaatt     | 6000 |
| gttaggcgtc atcctgtgct cccgagaacc agtaccagta catcgctgtt tcgttcgaga   | 6060 |
| cttgaggtct agttttatac gtgaacaggt caatgccgcg gagagtaaag ccacattttg   | 6120 |
| cgtacaaatt gcaggcaggt acattgttcg tttgtgtctc taatcgatg ccaaggagct    | 6180 |
| gtctgcttag tgcccacttt ttccgcaaatt cgatgagact gtgcgcgact cctttgcctc  | 6240 |
| ggtgcgtgtg cgacacaaca atgtgttcga tagaggctag atcgttccat gttgagttga   | 6300 |
| gttcaatctt cccgacaagc tcttggtcga tgaatgcgcg atagcaagca gagtcttcat   | 6360 |
| cagagtcata atccgagatg taatccttcc ggtaggggct cacacttctg gtagatagtt   | 6420 |
| caaagccttg gtcggatagg tgcacatcga acacttcacg aacaatgaaa tggttctcag   | 6480 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| catccaatgt ttccgccacc tgctcagga tcaccgaaat cttcatatga cgcctaacgc   | 6540 |
| ctggcacagc ggatcgcaaa cctggcgcg cttttggcac aaaaggcgtg acaggtttgc   | 6600 |
| gaatcggttg ctgccacttg ttaacccttt tgccagattt ggtaactata atttatgtta  | 6660 |
| gaggcgaagt cttgggtaaa aactggccta aaattgctgg ggatttcagg aaagtaaca   | 6720 |
| tcaccttccg gctcgatgtc tattgtagat atatgtagt tatctacttg atcgggggat   | 6780 |
| ctgctgcctc gcgcgtttcg gtgatgacgg tgaaaacctc tgacacatgc agctcccga   | 6840 |
| gacggtcaca gcttgtctgt aagcggatgc cgggagcaga caagcccgtc agggcgcgtc  | 6900 |
| agcgggtggt ggcggtgtc ggggcgcagc catgaccag tcacgtagcg atagcggagt    | 6960 |
| gtatactggc ttaactatgc ggcatcagag cagattgtac tgagagtga ccatatgcgg   | 7020 |
| tgtgaaatac cgcacagatg cgtaaggaga aaataccgca tcaggcgctc ttccgcttcc  | 7080 |
| tcgctcactg actcgctgcg ctcggtcgtt cggctgcggc gagcggatc agctcactca   | 7140 |
| aaggcggtaa tacggttacc cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca  | 7200 |
| aaaggccagc aaaaggccag gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcggtt ttcccatagg | 7260 |
| ctccgcccc ctgacgagca tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagagggtg gcgaaacccg  | 7320 |
| acaggactat aaagatacca ggcgtttccc cctggaagct ccctcgtagc ctctcctgtt  | 7380 |
| ccgaccctgc cgcttaccgg atacctgtcc gcccttctcc ctccgggaag cgtggcgctt  | 7440 |
| tctcatagct cacgctgtag gtatctcagt tcgggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc | 7500 |
| tgtgtgcacg aacccccgt tcagcccgac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt   | 7560 |
| gagtccaacc cggtaagaca cgacttatcg ccaactggcag cagccactgg taacaggatt | 7620 |
| agcagagcga ggtatgtagg cgggtgctaca gagttcttga agtggtggcc taactacggc | 7680 |
| tacactagaa ggacagtatt tggatctctc gctctgctga agccagttac ctccggaaaa  | 7740 |
| agagttggta gctcttgatc cggcaaacaa accaccgctg gtagcgggtg ttttttgtt   | 7800 |
| tgcaagcagc agattacgcg cagaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct  | 7860 |
| acggggtctg acgctcagtg gaacgaaaac tcacgttaag ggattttggc catgagatta  | 7920 |
| tcaaaaagga tcttcaccta gatcctttta aattaaaaat gaagttttta atcaatctaa  | 7980 |
| agtatatatg agtaaaactg gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc  | 8040 |
| tcagcgatct gtctatttcg ttcattccata gttgcctgac tccccgctgt gtagataact | 8100 |
| acgatacggg agggcttacc atctggcccc agtgctgcaa tgataccgag agaccacgc   | 8160 |
| tcaccggctc cagatttacc agcaataaac cagccagccg gaagggcga gcgcagaagt   | 8220 |
| ggtcctgcaa ctttatccgc ctccatccag tctattaatt gttgccggga agctagagta  | 8280 |
| agtagttcgc cagttaatag tttgcgcaac gttgttgcca ttgctgcagg gggggggggg  | 8340 |
| gggggggttc attgttcatt ccacggacaa aaacagagaa aggaaacgac agaggccaaa  | 8400 |

|            |              |            |             |            |            |       |
|------------|--------------|------------|-------------|------------|------------|-------|
| aagctcgctt | tcagcacctg   | tcgtttcctt | tcttttcaga  | gggtatttta | aataaaaaca | 8460  |
| ttaagttatg | acgaagaaga   | acggaaacgc | cttaaaccgg  | aaaattttca | taaatagcga | 8520  |
| aaacccgcga | ggtcgccgcc   | ccgtaacctg | tcggatcacc  | ggaaaggacc | cgtaaagtga | 8580  |
| taatgattat | catctacata   | tcacaacgtg | cgtggaggcc  | atcaaaccac | gtcaaataat | 8640  |
| caattatgac | gcaggtatcg   | tattaattga | tctgcacaa   | cttaacgtaa | aaacaacttc | 8700  |
| agacaatata | aatcagcgac   | actgaatacg | gggcaacctc  | atgtcccccc | cccccccccc | 8760  |
| ctgcaggcat | cgtggtgtca   | cgctcgctcg | ttggtatggc  | ttcattcagc | tcoggttccc | 8820  |
| aacgatcaag | gcgagttaca   | tgatccccc  | tggtgtgcaa  | aaaagcgggt | agctccttcg | 8880  |
| gtcctccgat | cgttgtcaga   | agtaagttgg | ccgcagtgtt  | atcactcatg | gttatggcag | 8940  |
| cactgcataa | ttctcttact   | gtcatgccat | ccgtaagatg  | cttttctgtg | actggtgagt | 9000  |
| actcaaccaa | gtcattctga   | gaatagtgt  | tgccggcgacc | gagttgctct | tgcccggcgt | 9060  |
| caacacggga | taataccgcg   | ccacatagca | gaactttaaa  | agtgtcatc  | attggaaaac | 9120  |
| gttcttcggg | gcgaaaactc   | tcaaggatct | taccgctgtt  | gagatccagt | tcgatgtaac | 9180  |
| ccactcgctc | acccaactga   | tcttcagcat | cttttacttt  | caccagcgtt | tctgggtgag | 9240  |
| caaaaacagg | aaggcaaaat   | gccgcaaaaa | agggaataag  | ggcgacacgg | aaatgttgaa | 9300  |
| tactcatact | cttccttttt   | caatattatt | gaagcattta  | tcagggttat | tgtctcatga | 9360  |
| gcggatacat | at ttgaaatgt | at ttgaaaa | ataaacaaat  | aggggttccg | cgcacatttc | 9420  |
| cccgaaaagt | gccacctgac   | gtctaagaaa | ccattattat  | catgacatta | acctataaaa | 9480  |
| ataggcgtat | cacgaggccc   | tttcgtcttc | aagaattggg  | cgacgatctt | gctgcgttcg | 9540  |
| gatattttcg | tggagttccc   | gccacagacc | cggattgaag  | gcgagatcca | gcaactcgcg | 9600  |
| ccagatcatc | ctgtgacgga   | actttggcgc | gtgatgactg  | gccaggacgt | cggccgaaag | 9660  |
| agcgacaagc | agatcacgct   | tttcgacagc | gtcggatttg  | cgatcgagga | tttttcggcg | 9720  |
| ctgcgctacg | tccgcgaccg   | cgttgaggga | tcaagccaca  | gcagcccact | cgaccttcta | 9780  |
| gcgacccag  | acgagccaag   | ggatcttttt | ggaatgctgc  | tccgtcgta  | ggctttccga | 9840  |
| cgtttgggtg | gttgaacaga   | agtcattatc | gcacggaatg  | ccaagcactc | ccgaggggaa | 9900  |
| ccctgtggtt | ggcatgcaca   | tacaaatgga | cgaacggata  | aaccttttca | cgccctttta | 9960  |
| aatatccgat | tattctaata   | aacgctcttt | tctcttaggt  | ttaccgcca  | atatatcctg | 10020 |
| tcaaactctg | atagttttaa   | ctgaaggcgg | gaaacgacaa  | cctgatcatg | agcggagaat | 10080 |
| taagggagtc | acgttatgac   | ccccgccgat | gacgggggac  | aagccgtttt | acgtttggaa | 10140 |
| ctgacagaac | cgcaacgttg   | aaggagccac | tcagcttaat  | taagtctaac | tcgagttact | 10200 |
| ggtacgtacc | aaatccatgg   | aatcaaggta | ccctgcagtg  | cagcgtgacc | cggctcggtc | 10260 |

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| cctctctaga gataatgagc attgcatgtc taagttataa aaaattacca catatTTTTT  | 10320 |
| ttgtcacact tgtttgaagt gcagtttata tatctttata catatattta aactttactc  | 10380 |
| tacgaataat ataacttata gtactacaat aatatcagt ttttagagaa tcatataaat   | 10440 |
| gaacagttag acatggtcta aaggacaatt gagtattttg acaacaggac tctacagttt  | 10500 |
| tatcttttta gtgtgcatgt gttctccttt ttttttgcaa atagcttcac ctatataata  | 10560 |
| cttcatccat tttattagta catccattta gggtttaggg ttaatggttt ttatagacta  | 10620 |
| atTTTTttag tacatctatt ttattctatt ttagcctcta aattaagaaa actaaaactc  | 10680 |
| tatttttagtt tttttattta ataatttaga tataaaatag aataaaataa agtgactaaa | 10740 |
| aattaaacaa atacccttta agaaattaaa aaaactaagg aaacattttt cttgtttcga  | 10800 |
| gtagataatg ccagcctgtt aaacgccgtc gacgagtcta acggacacca accagcgaac  | 10860 |
| cagcagcgtc gcgtcgggcc aagcgaagca gacggcacgg catctctgtc gctgcctctg  | 10920 |
| gacccctctc gagagtccg ctccaccgtt ggacttgctc cgctgtcggc atccagaaat   | 10980 |
| tgctggcgg agcggcagac gtgagccggc acggcaggcg gcctcctcct cctctcacgg   | 11040 |
| cacggcagct acgggggatt cctttccac cgctccttcg ctttcccttc ctgcgccgcc   | 11100 |
| gtaataaata gacacccctt ccacaccctc tttccccaac ctggtgttgt tcggagcgca  | 11160 |
| cacacacaca accagatctc ccccaaatcc acccgtcggc acctccgctt caaggtagcg  | 11220 |
| cgctcgtcct cccccccccc cctctctac cttctctaga tcggcggttc ggtccatggt   | 11280 |
| tagggcccg tagttctact tctgttcctg tttgtgttag atccgtgttt gtgttagatc   | 11340 |
| cgtgctgcta gcgttcgtac acggatgcga cctgtacgtc agacacgttc tgattgctaa  | 11400 |
| cttgccagtg tttctctttg gggaatcctg ggatggctct agccgttccg cagacgggat  | 11460 |
| cgatttcctg atTTTTtttg tttcgttgca tagggtttg tttgcccttt tcttttattt   | 11520 |
| caatatatgc cgtgcacttg tttgtcgggt catcttttca tgctTTTTtt tgtcttggtt  | 11580 |
| gtgatgatgt ggtctggttg ggcggtcgtt ctagatcgga gtagaattct gtttcaaact  | 11640 |
| acctggtgga tttattaatt ttggatctgt atgtgtgtgc catacatatt catagttaag  | 11700 |
| aattgaagat gatggatgga aatatcgatc taggataggt atacatgttg atgcgggttt  | 11760 |
| tactgatgca tatacagaga tgctTTTTgt tcgcttggtt gtgatgatgt ggtgtggttg  | 11820 |
| ggcggtcgtt cattcgttct agatcggagt agaatactgt ttcaaactac ctggtgtatt  | 11880 |
| tattaatttt ggaactgtat gtgtgtgtca tacatcttca tagttacgag tttaagatgg  | 11940 |
| atggaaatat cgatctagga taggtataca tgttgatgtg ggttttactg atgcatatac  | 12000 |
| atgatggcat atgcagcatc tattcatatg ctctaacctt gactacctat ctattataat  | 12060 |
| aaacaagtat gttttataat tattttgatc ttgatatact tggatgatgg catatgcagc  | 12120 |
| agctatatgt ggattTTTTt agccctgcct tcatacgcta tttatttgct tggtagtgtt  | 12180 |

|             |            |            |             |             |             |       |
|-------------|------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------|
| tctttttgtcg | atgctcacc  | tggtgtttgg | tggtacttct  | gcagatccag  | atcggatcct  | 12240 |
| aaaccatggc  | gaacaaacat | ttgtccctct | ccctcttct   | cgtcctcctt  | ggcctgtcgg  | 12300 |
| ccagcttggc  | ctccgggcaa | caaacaagca | ttactctgac  | atccaacgca  | tccggtacgt  | 12360 |
| ttgacgggta  | ctattacgaa | ctctggaagg | atactggcaa  | tacaacaatg  | acggtctaca  | 12420 |
| ctcaagggtcg | cttttctctg | cagtgggtcg | acatcaataa  | cgcgttggtt  | aggaccggga  | 12480 |
| agaaatacaa  | ccagaattgg | cagtctcttg | gcacaatccg  | gatcacgtac  | tctgcgactt  | 12540 |
| acaacccaaa  | cgggaactcc | tacttggtga | tctatggctg  | gtctaccaac  | ccattgggtcg | 12600 |
| agttctacat  | cgttgagtcc | tgggggaact | ggagaccgcc  | tgggtgcctgc | ctggccgagg  | 12660 |
| gctcgtcgt   | cttgacgcg  | gctaccgggc | agagggtccc  | tatcgaaaag  | gtcgcgtccg  | 12720 |
| ggatggaagt  | tttctccttg | ggacctgatt | acagactgta  | tgggtgccc   | gttttgagg   | 12780 |
| tccttgagag  | cggggttagg | gaagttgtgc | gcctcagaac  | tgggtcagg   | agaacgctgg  | 12840 |
| tggtgacacc  | agatcaccgc | cttttgacct | ccgaagggtg  | gaaacctctt  | tgtgacctcc  | 12900 |
| cgttggaac   | tccaattgca | gtccccgcag | aactgcctgt  | ggcgggccac  | ttggccccac  | 12960 |
| ctgaagaacg  | tggtacgtc  | ctggctcttc | tggtggggga  | tgggaacaca  | aagctgtcgg  | 13020 |
| gtcggagagg  | tacacgtcct | aatgccttct | tctacagcaa  | aaaccccgaa  | ttgctcgcgg  | 13080 |
| cttatcgccg  | gtgtgcagaa | gccttgggtg | caaagggtgaa | agcatacgtc  | cacccgacta  | 13140 |
| cgggggtggt  | tacactcgca | accctcgctc | cacgtcctgg  | agctcaagat  | cctgtcaaac  | 13200 |
| gcctcgttgt  | cgaggcggga | atggttgcta | aagccgaaga  | gaagagggtc  | ccggaggagg  | 13260 |
| tgtttcgtta  | ccggcgtgag | gcgttgggcc | ttttcttggg  | ccgtttgttc  | tgcacagacg  | 13320 |
| gctctgttga  | aaagaagagg | atctcttatt | caagtgccag  | tttgggactg  | gcccaggatg  | 13380 |
| tgcacatct   | cttgctgcgc | cttggaatta | catctcaact  | ccgttcgaga  | gggccacggg  | 13440 |
| ctcacgaggt  | tcttatatcg | ggccgcgagg | atattttgcg  | gtttgctgaa  | cttatcggac  | 13500 |
| cctacctctt  | gggggccaag | aggagagac  | ttgcagcgct  | ggaagctgag  | gcccgcaggc  | 13560 |
| gtttgcctgg  | acagggatgg | cacttgccgc | ttgttcttcc  | tgccgtggcg  | tacagagtgg  | 13620 |
| gcgaggctga  | aaggcgtcgc | ggattttcgt | ggagtgaagc  | cggtcggcgc  | gtcgcagttg  | 13680 |
| cgggatcgtg  | tttgtcatct | ggactcaacc | tcaaattgcc  | cagacgctac  | ctttctcggc  | 13740 |
| accggttgtc  | gctgctcgg  | gaggcttttg | ccgacctgg   | gctggaagcg  | ctcgcggaag  | 13800 |
| gccaagtgct  | ctgggacct  | attggtgctg | togaaccggc  | cggtaaggcg  | agaacattcg  | 13860 |
| acttgccgct  | tccaccttt  | gcaaacttcg | tgagcgagga  | cctggtggtg  | cataacaccg  | 13920 |
| tccccctggg  | ccaagtgaca | atcgatggcg | ggacctacga  | catctatagg  | acgacacgcg  | 13980 |
| tcaaccagcc  | ttccattgtg | gggacagcca | cgttcgatca  | gtactggagc  | gtcgcacact  | 14040 |

ctaagcggac ttcaggaaca gtgaccgtga ccgatcactt ccgcgcctgg gcgaacggg 14100  
goc tgaacct cggcacaata gaccaaatta cattgtgcgt ggagggttac caaagctctg 14160  
gatcagcoaa catcacccag aacaccttct ctcagggctc ttcttcocggc agttcgggtg 14220  
gtcatccgg ctccacaacg actactcgca tcgagtgtga gaacatgtcc ttgtccggac 14280  
cctacgttag caggatcacc aatcccttta atggtattgc gctgtacgcc aacggagaca 14340  
cagcccgcgc taccgttaac ttccccgcaa gtgcgaacta caatttcgc ctgcgggggtt 14400  
goggcaacaa caataatctt gcccggtgtg acctgaggat cgacggacgg accgtcggga 14460  
ccttttatta ccagggcaca taccctggg aggccccaat tgacaatgtt tatgtcagtg 14520  
cggggagtca tacagtogaa atcactgtta ctgcggataa cggcacatgg gacgtgtatg 14580  
ccgactacct ggtgatacag agcgagaagg acgagctgtg ac 14622

<210> 71  
<211> 14531  
<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, pAG4004

<400> 71

ctaggtcccc gaatttcccc gatcgttcaa acatttggca ataaagtttc ttaagattga 60  
atcctgttgc cggctcttgcg atgattatca tataatttct gttgaattac gtttagcatg 120  
taataattaa catgtaatgc atgacgttat ttatgagatg ggtttttatg attagagtcc 180  
cgcaattata catttaatac gcgatagaaa acaaaatata gcgcgcaaac taggataaat 240  
tatcgcgcg cgtgtcatct atgttactag atcgggaatt ggaattcctg cagtgcagcg 300  
tgaccocggc gtgcccctct ctagagataa tgagcattgc atgtctaagt tataaaaaat 360  
taccacatat tttttttgtc acacttgttt gaagtgcagt ttatctatct ttatacatat 420  
atttaaaactt tactctacga ataataataat ctatagtact acaataatat cagtgtttta 480  
gagaatcata taaatgaaca gttagacatg gtctaaagga caattgagta ttttgacaac 540  
aggactctac agtttttatct ttttagtgtg catgtgttct cttttttttt tgcaaatagc 600  
ttcacctata taatacttca tccattttat tagtacatcc atttaggggt taggggttaat 660  
ggtttttata gactaatttt ttttagtacat ctattttatt ctatttttagc ctctaaatta 720  
agaaaactaa aactctatct tagttttttt atttaataat ttagatataa aatagaataa 780  
aataaagtga ctaaaaatta aacaaatacc cttaaagaaa ttaaaaaaac taaggaaaca 840  
tttttcttgt ttcgagtaga taatgccagc ctgttaaacg ccgtcgacga gtctaacgga 900  
caccaaccag cgaaccagca gcgtcgcg cggccaagcg aagcagacgg cacggcatct 960  
ctgtcgctgc ctctggaccc ctctcgagag ttccgctcca ccgttggact tgctccgctg 1020

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| tcggaatcca gaaattgagt ggcggagcgg cagacgtgag ccggcaacggc aggcggcctc  | 1080 |
| ctcctcctct cacggcacgg cagctacggg ggattccttt ccacacgctc ctccgctttc   | 1140 |
| ccttcctcgc ccgcgtaat aaatagacac cccctccaca ccctctttcc ccaacctcgt    | 1200 |
| gttggtcgga gcgcacacac acacaaccag atctccccc aatccaccgc tcggcacctc    | 1260 |
| cgtttcaagg tacgcgcctc gtccctcccc cccccccctc tctaccttct ctagatcggc   | 1320 |
| gttcgggtcc atgggttaggg cccggtagtt ctactttctgt tcatgtttgt gttagatccg | 1380 |
| tggtttgtgt agatccgtgc tgctagcgtt cgtacacgga tgcgacctgt acgtcagaca   | 1440 |
| cgtttctgatt gctaacttgc cagtgtttct ctttggggaa tcctgggatg gctctagccg  | 1500 |
| ttccgcagac gggatcgatt tcatgatttt ttttgtttcg ttgcataggg tttggtttgc   | 1560 |
| ccctttcctt tatttcaata tatgcgcgtc acttgtttgt cgggtcatct tttcatgctt   | 1620 |
| ttttttgtct tgggtgtgat gatgtggtct ggttgggcgg tcgttctaga tcggagtaga   | 1680 |
| attctgtttc aaactacctg gtggatttat taattttgga tctgtatgtg tgtgccatac   | 1740 |
| atattcatag ttacgaattg aagatgatgg atggaaatat cgatctagga taggtataca   | 1800 |
| tggtgatgag ggttttactg atgcatatac agagatgctt tttgttcgct tgggtgtgat   | 1860 |
| gatgtggtgt ggttgggcgg tcgttcattc gttctagatc ggagtagaat actgtttcaa   | 1920 |
| actacctggt gtatttatta attttggaac tgtatgtgtg tgtcatacat cttcatagtt   | 1980 |
| acgagtttaa gatggatgga aatatcgatc taggataggt atacatgttg atgtgggttt   | 2040 |
| tactgatgca tatacatgat ggcataatga gcatctattc atatgctcta accttgagta   | 2100 |
| cctatctatt ataataaaca agtatgtttt ataattttt tgatcttgat atacttggat    | 2160 |
| gatggcatat gcagcagcta tatgtggatt tttttagccc tgccttcata cgctatttat   | 2220 |
| ttgcttggtc ctgtttcttt tgcgatgct caccctgttg tttggtgtta cttctgcaga    | 2280 |
| tccagatcta aacctgcag aaactcatta actcagtga aaactatgcc tggggcagca     | 2340 |
| aaacggcggt gactgaactt tatggtatgg aaaatccgtc cagccagccg atggccgagc   | 2400 |
| tgtggatggg cgcacatccg aaaagcagtt cagcagtgca gaatgcgcc ggagatatcg    | 2460 |
| tttactgcg tgatgtgatt gagagtgata aatcgactct gctcggagag gccgttgcca    | 2520 |
| aacgcttttg cgaactgcct ttctgtttca aagtattatg cgcagcacag ccactctcca   | 2580 |
| ttcaggttca tccaaacaaa cacaattctg aaatcggttt tgccaaagaa aatgccgcag   | 2640 |
| gtatcccgat ggatgccgcc gagcgtaact ataaagatcc taaccacaag ccggagctgg   | 2700 |
| tttttgcgct gacgcctttc cttgcgatga acgcgtttcg tgaattttcc gagattgtct   | 2760 |
| ccctactcca gccggtcgca ggtgcacatc cggcgattgc tcacttttta caacagcctg   | 2820 |
| atgcogaacg tttaagcgaa ctgttcgcca gcctgttgaa tatgcagggt gaagaaaaat   | 2880 |

|            |             |            |             |             |             |      |
|------------|-------------|------------|-------------|-------------|-------------|------|
| cccgcgcgct | ggcgatttta  | aaatcgggcc | tcgatagcca  | gcagggtgaa  | ccgtggcaaa  | 2940 |
| cgattcgttt | aattttctgaa | ttttacccgg | aagacagcgg  | tctgtttctcc | ccgtatttgc  | 3000 |
| tgaatgtggg | gaaattgaac  | cctggcgaag | cgatgttctt  | gttcgctgaa  | acaccgcacg  | 3060 |
| cttacctgca | aggcgtggcg  | ctggaagtga | tggcaaaactc | cgataacgtg  | ctgcgtgcgg  | 3120 |
| gtctgacgcc | taaatacatt  | gatattccgg | aactggttgc  | caatgtgaaa  | ttcgaagcca  | 3180 |
| aaccggctaa | ccagttgttg  | acccagccgg | tgaacaaggg  | tgcagaactg  | gacttcccgga | 3240 |
| ttccagtgga | tgatttttgc  | ttctcgctgc | atgaccttag  | tgataaagaa  | accaccatta  | 3300 |
| gccagcagag | tgccgccatt  | ttgttctgcg | tcgaaggcga  | tgcaacgttg  | tggaaagggt  | 3360 |
| ctcagcagtt | acagcttaaa  | ccgggtgaat | cagcgtttat  | tgccgccaac  | gaatcaccgg  | 3420 |
| tgactgtcaa | aggccacggc  | cgtttagcgc | gtgtttacaa  | caagctgtaa  | gagcttactg  | 3480 |
| aaaaaattaa | catctcttgc  | taagctggga | gctctagatc  | cccgaatttc  | cccgatcggt  | 3540 |
| caaacatttg | gcaataaagt  | ttcttaagat | tgaatcctgt  | tgccgggtctt | gcgatgatta  | 3600 |
| tcatataatt | tctgttgaat  | tacgttaagc | atgtaataat  | taacatgtaa  | tgcatgacgt  | 3660 |
| tatttatgag | atgggttttt  | atgattagag | tcccgcaatt  | atacatttaa  | tacgcgatag  | 3720 |
| aaaacaaaat | atagcgcgca  | aactaggata | aattatcgcg  | cgcggtgtca  | tctatgttac  | 3780 |
| tagatcggga | attggcgagc  | tcgaattaat | tcagtacatt  | aaaaacgtcc  | gcaatgtggt  | 3840 |
| attaagttgt | ctaagcgtca  | atttgtttac | accacaatat  | atcctgccac  | cagccagcca  | 3900 |
| acagctcccc | gaccggcagc  | tcggcacaaa | atcaccactc  | gatacaggca  | gcccatcagt  | 3960 |
| ccgggacggc | gtcagcggga  | gagccgttgt | aaggcggcag  | actttgctca  | tgttaaccgat | 4020 |
| gctattcgga | agaacggcaa  | ctaagctgcc | gggtttgaaa  | cacggatgat  | ctcgcggagg  | 4080 |
| gtagcatggt | gattgtaacg  | atgacagagc | gttgctgcct  | gtgatcaaat  | atcatctccc  | 4140 |
| tcgcagagat | ccgaattatc  | agccttctta | ttcattttctc | gcttaaccgt  | gacaggctgt  | 4200 |
| cgatcttgag | aactatgccg  | acataatagg | aaatcgctgg  | ataaagccgc  | tgaggaagct  | 4260 |
| gagtggcgct | atttcttttag | aagtgaacgt | tgacgatcgt  | cgaccgtacc  | ccgatgaatt  | 4320 |
| aattcggacg | tacgtttctga | acacagctgg | atacttaact  | gggcgattgt  | catacatgac  | 4380 |
| atcaacaatg | tacccgtttg  | tgtaacgcgc | tcttggagggt | tcgtatgaca  | ctagtggttc  | 4440 |
| ccctcagctt | gcgactagat  | gttgaggcct | aacattttat  | tagagagcag  | gctagtgtct  | 4500 |
| tagatacatg | atcttcaggc  | cgttatctgt | cagggcaagc  | gaaaattggc  | catttatgac  | 4560 |
| gaccaatgcc | ccgcagaagc  | tcccatcttt | gccgccatag  | acgccgcgcc  | ccccttttgg  | 4620 |
| ggtgtagaac | atcctttttgc | cagatgtgga | aaagaagttc  | gttgtcccat  | tgttggcaat  | 4680 |
| gacgtagtag | ccggcgaaag  | tgcgagaccc | atttgcgcta  | tatataagcc  | tacgatttcc  | 4740 |
| gttgcgacta | ttgtcgtaat  | tggatgaact | attatcgtag  | ttgctctcag  | agttgtcgta  | 4800 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| atttgatgga ctattgtcgt aattgcttat ggagttgtcg tagttgcttg gagaaatgtc  | 4860 |
| gtagttggat ggggagtagt catagggag acgagcttca tccactaaaa caattggcag   | 4920 |
| gtcagcaagt gcctgccccg atgccatcgc aagtaacgagg cttagaacca ccttcaacag | 4980 |
| atcgcgcata gtcttcccca gctctctaac gcttgagtta agccgcgccg cgaagcggcg  | 5040 |
| tcggcttgaa cgaattgtta gacattatct gccgactacc ttggtgatct cgcctttcac  | 5100 |
| gtagtgaaca aattcttcca actgatctgc gcgcgaggcc aagcgatctt cttgtccaag  | 5160 |
| ataagcctgc ctagcttcaa gtatgacggg ctgatactgg gccggcaggc gctccattgc  | 5220 |
| ccagtcggca ggcacatcct tcggcgcgat tttgcgggtt actgcgctgt accaaatgcg  | 5280 |
| ggacaacgta agcactacat ttcgctcctc gccagcccag tcggcgggcg agttccatag  | 5340 |
| cgttaaggtt tcatttagcg cctcaaatac atcctgttca ggaaccggat caaagagttc  | 5400 |
| ctccgcgcgt ggacctacca aggcaacgct atgttctctt gcttttgtca gcaagatagc  | 5460 |
| cagatcaatg tcgatcgtgg ctggctcgaa gatacctgca agaattgcat tgcgctgcca  | 5520 |
| ttctccaaat tgcagttcgc gcttagctgg ataacgccac ggaatgatgt cgtcgtgcac  | 5580 |
| aacaatggtg acttctacag cgcggagaat ctgcctctct ccagggaag ccgaagtctc   | 5640 |
| caaaaggtcg ttgatcaaag ctgcgcgcgt tgtttcatca agccttacgg tcaccgtaac  | 5700 |
| cagcaaatca atatcactgt gtggcttcag gccgccatcc actgcggagc cgtacaaatg  | 5760 |
| tacggccagc aacgtcgggt cgagatggcg ctcgatgacg ccaactacct ctgatagttg  | 5820 |
| agtcgatact tcggcgatca ccgcttccct catgatgttt aactcctgaa ttaagccgcg  | 5880 |
| ccgcgaagcg gtgtcggctt gaatgaattg ttaggcgtca tcctgtgctc ccgagaacca  | 5940 |
| gtaccagtac atcgctgttt cgttcgagac ttgaggtcta gttttatacg tgaacaggtc  | 6000 |
| aatgccgcgc agagtaaagc cacattttgc gtacaaattg caggcaggta cattgttcgt  | 6060 |
| ttgtgtctct aatcgtatgc caaggagctg tctgcttagt gccactttt tcgcaaattc   | 6120 |
| gatgagactg tgcgcgactc ctttgccctg gtgcgtgtgc gacacaacaa tgtgttcgat  | 6180 |
| agaggctaga tcgttccatg ttgagttgag ttcaatcttc ccgacaagct cttggtcgat  | 6240 |
| gaatgcgcca tagcaagcag agtccttcac agagtcacat tccgagatgt aatccttccg  | 6300 |
| gtaggggctc acacttctgg tagatagttc aaagccttgg tcggataggt gcacatcgaa  | 6360 |
| cacttcacga acaatgaaat gggtctcagc atccaatgtt tccgccacct gctcagggat  | 6420 |
| caccgaaatc ttcatatgac gcctaacgcc tggcacagcg gatcgcaaac ctggcgcggc  | 6480 |
| ttttggcaca aaaggcgtga caggtttgcg aatccgttgc tgccacttgt taacctttt   | 6540 |
| gccagatttg gtaactataa tttatgttag aggcgaagtc ttgggtaaaa actggcctaa  | 6600 |
| aattgctggg gatttcagga aagtaaacat caccctccgg ctcgatgtct attgtagata  | 6660 |

|            |             |             |            |            |            |      |
|------------|-------------|-------------|------------|------------|------------|------|
| tatgtagtgt | atctacttga  | tcgggggatc  | tgttgccctc | cgcgttttcg | tgatgacggt | 6720 |
| gaaaacctct | gacacatgca  | gtccccggag  | acggtcacag | cttgtctgta | agcggatgcc | 6780 |
| gggagcagac | aagcccgta   | gggcgcgtca  | gcgggtgttg | gcgggtgtcg | gggcgcagcc | 6840 |
| atgacccagt | cacgtagcga  | tagcggagt   | tatactggct | taactatgcg | gcacagagc  | 6900 |
| agattgtact | gagagtgcac  | catatgcggt  | gtgaaatacc | gcacagatgc | gtaaggagaa | 6960 |
| aataccgcat | caggcgctct  | tccgcttcct  | cgtcactga  | ctcgctgcgc | tgggtcgctc | 7020 |
| ggctgcggcg | agcggatatca | gtcactcaa   | aggcggtaat | acggttatcc | acagaatcag | 7080 |
| gggataacgc | aggaaagaac  | atgtgagcaa  | aaggccagca | aaaggccagg | aaccgtaaaa | 7140 |
| aggcgcgctt | gctggcgctt  | ttccataggc  | tccgcccccc | tgacgagcat | cacaaaaatc | 7200 |
| gacgctcaag | tcagaggtgg  | cgaaaccgga  | caggactata | aagataccag | gcgtttcccc | 7260 |
| ctggaagctc | cctcgtgcgc  | tctcctgttc  | cgaccctgcc | gcttaccgga | tacctgtccg | 7320 |
| cctttctccc | ttcggaagc   | gtggcgcttt  | ctcatagctc | acgctgtagg | tatctcagtt | 7380 |
| cgggtgtagg | cgctcgtccc  | aagctgggct  | gtgtgcacga | acccccgctt | cagcccgacc | 7440 |
| gctgcgcctt | atccggtaac  | tatcgtcttg  | agtccaaccc | ggtaagacac | gacttatcgc | 7500 |
| cactggcagc | agccactggt  | aacaggatta  | gcagagcgag | gtatgtaggc | ggtgctacag | 7560 |
| agttcttgaa | gtgggtggct  | aactacggct  | acactagaag | gacagtatct | ggtatctgcg | 7620 |
| ctctgctgaa | gccagttacc  | ttcggaaaaa  | gagttggtag | ctcttgatcc | ggcaaacaaa | 7680 |
| ccacgcgtgg | tagcgggtgt  | ttttttgttt  | gcaagcagca | gattacgcgc | agaaaaaag  | 7740 |
| gatctcaaga | agatcctttg  | atctttttcta | cggggtctga | cgtcagtggt | aacgaaaact | 7800 |
| cacgttaagg | gatttttggt  | atgagattat  | caaaaaggat | cttcacctag | atccttttaa | 7860 |
| attaaaaatg | aagtttttaa  | tcaatctaaa  | gtatatatga | gtaaacttgg | tctgacagtt | 7920 |
| accaatgctt | aatcagtgag  | gcacctatct  | cagcgatctg | tctatttcgt | tcatccatag | 7980 |
| ttgcctgact | ccccgtcgtg  | tagataacta  | cgatacggga | gggcttacca | tctggcccca | 8040 |
| gtgctgcaat | gataccgcga  | gaccacgct   | caccggctcc | agatttatca | gcaataaacc | 8100 |
| agccagccgg | aagggccgag  | cgcagaagt   | gtcctgcaac | tttatccgcc | tccatccagt | 8160 |
| ctattaattg | ttgccgggaa  | gctagagtaa  | gtagttcgcc | agttaatagt | ttgcgcaacg | 8220 |
| ttgttgccat | tgctgcaggg  | gggggggggg  | gggggttcca | ttgttcattc | cacggacaaa | 8280 |
| aacagagaaa | ggaaacgaca  | gaggccaaaa  | agctcgcttt | cagcacctgt | cgtttccttt | 8340 |
| cttttcagag | ggtattttta  | ataaaaacat  | taagttatga | cgaagaagaa | cggaaacgcc | 8400 |
| ttaaaccgga | aaattttcat  | aaatagcgaa  | aaccgcgag  | gtcgccgccc | cgtaacctgt | 8460 |
| cggatcaccc | gaaaggaccc  | gtaaagtgat  | aatgattatc | atctacatat | cacaacgtgc | 8520 |
| gtggaggcca | tcaaaccacg  | tcaaataatc  | aattatgacg | caggatcgt  | attaattgat | 8580 |

|                                                                     |       |
|---------------------------------------------------------------------|-------|
| ctgcatcaac ttaacgtaaa aacaacttca gacaatacaa atcagcgaca ctgaatacgg   | 8640  |
| ggcaacctca tgtccccccc ccccccccc tgcaggcatc gtggtgtcac gctcgtcgtt    | 8700  |
| tggatatggct tcattcagct ccggttccca acgatcaagg cgagttacat gatcccccat  | 8760  |
| gttgtgcaaa aaagcgggta gctccttcgg tctccgcatc gttgtcagaa gtaagttggc   | 8820  |
| cgcagtggtta tcaactcatgg ttatggcagc actgcataat tctcttactg tcatgccatc | 8880  |
| cgtaagatgc ttttctgtga ctgggtgagta ctcaaccaag tcattctgag aatagtgtat  | 8940  |
| gcggcgaccg agttgctcct gcccggcgtc aacacgggat aataccgcgc cacatagcag   | 9000  |
| aactttaaaa gtgctcatca ttggaaaacg ttcttcgggg cgaaaactct caaggatcct   | 9060  |
| accgctgttg agatccagtt cgatgtaacc cactcgtgca cccaactgat cttcagcatc   | 9120  |
| ttttactttc accagcgttt ctgggtgagc aaaaacagga aggcaaatg ccgcaaaaaa    | 9180  |
| gggaataagg gcgacacgga aatggtgaat actcatactc ttcttttttc aatattattg   | 9240  |
| aagcatttat caggggttatt gtctcatgag cggatacata tttgaatgta tttagaaaaa  | 9300  |
| taaacaaata ggggttccgc gcacatttcc ccgaaaagtg ccacctgacg tctaagaaac   | 9360  |
| cattattatc atgacattaa cctataaaaa taggcgtatc acgaggccct ttcgtcttca   | 9420  |
| agaattggtc gacgatcttg ctgcgttcgg atattttcgt ggagttcccg ccacagaccc   | 9480  |
| ggattgaagg cgagatccag caactcgcgc cagatcatcc tgtgacggaa ctttggcgcg   | 9540  |
| tgatgactgg ccaggacgtc gcccgaaaga gcgacaagca gatcacgctt ttgcagacgc   | 9600  |
| tcggatttgc gatcgaggat ttttcggcgc tgcgctacgt ccgcgaccgc gttgagggat   | 9660  |
| caagccacag cagccactc gaccttctag ccgaccaga cgagccaagg gatctttttg     | 9720  |
| gaatgctgct ccgtcgtcag gctttccgac gtttgggtgg ttgaacagaa gtcattatcg   | 9780  |
| cacggaatgc caagcactcc cgaggggaac cctgtggttg gcatgcacat acaaatggac   | 9840  |
| gaacggataa acctttttcac gcccttttaa atatccgatt attctaataa acgctctttt  | 9900  |
| ctcttaggtt taccgcgcaa tatatcctgt caaacactga tagtttaaac tgaaggcggg   | 9960  |
| aaacgacaac ctgatcatga gcggagaatt aaggggagtca cgttatgacc cccgccgatg  | 10020 |
| acgcgggaca agccgtttta cgtttggaac tgacagaacc gcaacgttga aggagccact   | 10080 |
| cagcttaatt aagtctaact cgagttactg gtaoctacca aatccatgga atcaaggtag   | 10140 |
| cctgcagtgc agcgtgacct ggctcgtgcc ctctctagag ataagtagca ttgcatgtct   | 10200 |
| aagttataaa aaattaccac atattttttt tgtcacactt gtttgaagtg cagtttatct   | 10260 |
| atctttatac atatatttta actttactct acgaataata taatctatag tactacaata   | 10320 |
| atatcagtgt tttagagaat catataaatg aacagttaga catggtctaa aggacaattg   | 10380 |
| agtattttga caacaggact ctacagtttt atcttttttag tgtgcatgtg ttctcctttt  | 10440 |

|                                                                      |       |
|----------------------------------------------------------------------|-------|
| tttttgcaaa tagcttcacc tatataatac ttcattccatt ttatttagtac atccatttag  | 10500 |
| ggtttagggg taatgggttt tatagactaa ttttttttagt acatctatatt tattctatatt | 10560 |
| tagcctctaa attaagaaaa ctaaaactct atttttagttt ttttatttaa taatttagat   | 10620 |
| ataaaataga ataaaataaa gtgactaaaa attaaacaaa taccctttta gaaattaaaa    | 10680 |
| aaactaagga aacatttttc ttgtttcgag tagataatgc cagcctgtta aacgcgctcg    | 10740 |
| acgagtctaa cggacaccaa ccagcgaacc agcagcgtcg cgtcgggcca agcgaagcag    | 10800 |
| acggcaacgc atctctgtcg ctgcctctgg acccctctcg agagtccgc tccacogttg     | 10860 |
| gacttgctcc gctgtcggca tccagaaatt gcgtggcgga gcggcagacg tgagccggca    | 10920 |
| cggcaggggg cctcctcctc ctctcacggc acggcagcta cgggggatcc ctttccacc     | 10980 |
| gctccttcgc tttcccttcc tcgcccgcgc taataaatag acacccctc cacacccctc     | 11040 |
| ttccccaaac tcgtgttgtt cggagcgcac acacacacaa ccagatctcc cccaaatcca    | 11100 |
| cccgtcggca cctccgcttc aaggtaacgc gctcgtcctc ccccccccc cctctctacc     | 11160 |
| ttctctagat cggcgttccg gtccatggtt agggcccggg agttctactt ctgttcatgt    | 11220 |
| ttgtgttaga tccgtgtttg tgtagatcc gtgtgtctag cgttcgtaca cggatgcgac     | 11280 |
| ctgtacgtca gacacgttct gattgctaac ttgccagtgt ttctcttttg ggaatcctgg    | 11340 |
| gatggctcta gccgttccgc agacgggatc gatttcatga ttttttttgt ttcgttgcat    | 11400 |
| agggtttggt ttgccctttt cctttatttc aatatatgcc gtgcacttgt ttgtcgggtc    | 11460 |
| atcttttcat gctttttttt gtcttggttg tgatgatgtg gtctgggttg gcggtcgttc    | 11520 |
| tagatcggag tagaattctg tttcaacta cctgggtggat ttattaattt tggatctgta    | 11580 |
| tgtgtgtgcc atacatattc atagttacga attgaagatg atggatggaa atatcgatct    | 11640 |
| aggataggta tacatgttga tgcgggtttt actgatgcac atacagagat gcttttttgt    | 11700 |
| cgttggttg tgatgatgtg gtgtggttg gcggtcgttc attcgttcta gatcggagta      | 11760 |
| gaatactgtt tcaaaactacc tgggtgattt attaatattg gaactgtatg tgtgtgtcat   | 11820 |
| acatcttcat agttacgagt ttaagatgga tggaaatata gatctaggat aggtatacat    | 11880 |
| gttgatgtgg gttttactga tgcataata tgatggcata tgcagcatct attcatatgc     | 11940 |
| tctaaccttg agtacctatc tattataata aacaagtatg ttttataatt attttgatct    | 12000 |
| tgatatactt ggatgatggc atatgcagca gctatatgtg gattttttta gccctgcctt    | 12060 |
| catacgctat ttatttgctt ggtactgttt cttttgtcga tgctcaccct gttgttttgt    | 12120 |
| gttacttctg cagatccaga tcggatccta aaccatggcg aacaaacatt tgtccctctc    | 12180 |
| cctcttctc gtctccttg gcctgtcggc cagcttggcc tccgggcaac aaacaagcat      | 12240 |
| tactctgaca tccaacgcac ccggtacgtt tgacgggttac tattacgaac tctggaagga   | 12300 |
| tactggcaat acaacaatga cggctctacac tcaaggctgc ttttctgcgc agtggctcga   | 12360 |

|            |             |            |             |            |             |       |
|------------|-------------|------------|-------------|------------|-------------|-------|
| catcaataac | gcgttggtta  | ggaccgggaa | gaaatacaac  | cagaattggc | agtctcttgg  | 12420 |
| cacaatccgg | atcacgtact  | ctgcgactta | caacccaaac  | gggaactcct | acttgtgtat  | 12480 |
| ctatggctgg | tctaccaacc  | cattgggtcg | gttctacatc  | gttgagtcct | gggggaactg  | 12540 |
| gagaccgcct | ggtgcctgcc  | tggccgaggg | ctcgcctcgc  | ttggacgcgg | ctaccgggca  | 12600 |
| gagggtcctt | atcgaaaagg  | tgcgccgggg | gatggaagtt  | ttctccttgg | gacctgatta  | 12660 |
| cagactgtat | cgggtgcccg  | ttttggaggt | ccttgagagc  | ggggtagagg | aagttgtgcg  | 12720 |
| cctcagaact | cggtcaggga  | gaacgctggt | gttgacacca  | gatcaccgcg | ttttgacccc  | 12780 |
| cgaagggttg | aaacctcttt  | gtgacctccc | gcttggaact  | ccaattgcag | tccccgcaga  | 12840 |
| actgcctgtg | gcggggccact | tggccccacc | tgaagaacgt  | gttacgctcc | tggctcttct  | 12900 |
| gttgggggat | gggaacacaa  | agctgtcggg | tcggagaggt  | acacgtccta | atgccttctt  | 12960 |
| ctacagcaaa | aaccccgaat  | tgctcgcggc | ttatcgcggg  | tgtgcagaag | ccttggtgtc  | 13020 |
| aaaggtgaaa | gcatacgtcc  | acccgactac | gggggtggtt  | acactcgcaa | ccctcgtccc  | 13080 |
| acgtcctgga | gctcaagatc  | ctgtcaaacg | cctcgttgtc  | gaggcgggaa | tggttgctaa  | 13140 |
| agccgaagag | aagagggtcc  | cggaggaggt | gtttcggttac | cggcgtgagg | cgttggtccct | 13200 |
| tttcttgggc | cgtttgttct  | cgacagacgg | ctctgttgaa  | aagaagagga | tctcttattc  | 13260 |
| aagtgcacgt | ttgggactgg  | cccaggatgt | cgcacatctc  | ttgctgcggc | ttggaattac  | 13320 |
| atctcaactc | cgttcgagag  | ggccacgggc | tcacgaggtt  | cttatatcgg | gccgcgagga  | 13380 |
| tattttgcgg | tttgctgaac  | ttatcggacc | ctacctcttg  | ggggccaaga | gggagagact  | 13440 |
| tgcagcgcct | gaagctgagg  | cccgacggcg | tttgcttgga  | cagggatggc | acttgcggtc  | 13500 |
| tgttcttctt | gccgtggcgt  | acagagtggg | cgaggctgaa  | aggcgcctcg | gattttctgt  | 13560 |
| gagtgaagcc | ggtcggcgcg  | tcgcagttgc | gggatcgtgt  | ttgtcatctg | gactcaacct  | 13620 |
| caaattgccc | agacgctacc  | tttctcggca | ccggttgtcg  | ctgctcggtg | aggcttttgc  | 13680 |
| cgaccctggg | ctggaagcgc  | tcgcggaagg | ccaagtgcct  | tgggacccta | ttgttgctgt  | 13740 |
| cgaaccggcc | ggttaaggcg  | gaacattcga | cttgcgcgtt  | ccaccctttg | caaacttcgt  | 13800 |
| gagcgaggac | ctggtggtgc  | ataacaccgt | ccccctgggc  | caagtgacaa | tcgatggcgg  | 13860 |
| gacctacgac | atctatagga  | cgacacgcgt | caaccagcct  | tccattgtgg | ggacagccac  | 13920 |
| gttcgatcag | tactggagcg  | tgccacacct | taagcggact  | tcaggaacag | tgaccgtgac  | 13980 |
| cgatcacttc | cgcgcctggg  | cgaaccgggg | cctgaacctc  | ggcacaatag | accaaattac  | 14040 |
| attgtgcgtg | gagggttacc  | aaagctctgg | atcagccaac  | atcaccacga | acaccttctc  | 14100 |
| tcagggtctt | tcttcgggca  | gttcgggtgg | ctcatccggc  | tccacaacga | ctactcgcac  | 14160 |
| cgagtgtgag | aacatgtcct  | tgtccggacc | ctacgttagc  | aggatcacca | atccctttaa  | 14220 |

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| tggtattgcg ctgtacgcca acggagacac agcccgcgct accgttaact tcccgcgaag  | 14280 |
| tgcgaactac aatttccgcc tgcgggggtg cggcaacaac aataatcttg cccgtgtgga  | 14340 |
| cctgaggatc gacggacgga ccgtcgggac cttttattac cagggcacat acccctggga  | 14400 |
| ggccccaatt gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac acagtcgaaa tcaactgttac | 14460 |
| tgcggataac ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg gtgatacaga gcgagaagga  | 14520 |
| cgagctgtga c                                                       | 14531 |

<210> 72  
 <211> 14593  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia Artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética, pAG2227

<400> 72

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| aattcatact aaagccttgca tgcctgcagg tgcactotag taacggcgcg cagtgtgctg  | 60   |
| gaattaattc ggcttgtcga ccaccaacc ccatatcgac agaggatgtg aagaacaggt    | 120  |
| aatcaocga gaagaaccca tctctgatag cagctatcga ttagaacaac gaatccatat    | 180  |
| tgggtccgtg ggaaatactt actgcacagg aagggggcga tctgacgagg ccccgccacc   | 240  |
| ggcctcgacc cgaggccgag gccgaogaag cgcgcgcgag tacggcgccg cggcggcctc   | 300  |
| tgcccgctgc ctctgcgcgt gggagggaga ggccgcggtg gtggggggcg gcgcgcgcgc   | 360  |
| gcgcgcagct ggtgcggcgg cgcgggggtc agccgcgag cggcgggcga cggaggagca    | 420  |
| ggcgggcgtg gacgcgaact tccgatcggg tggtcagagt gcgcgagttg ggcttagcca   | 480  |
| attaggtctc aacaatctat tgggccgtaa aattcatggg ccctggtttg tctaggccca   | 540  |
| atatcccggt catttcagcc cacaatatatt tcccagagg attattaagg cccacacgca   | 600  |
| gcttatagca gatcaagtac gatgtttcct gatcgttggg tcggaaacgt acggtcttga   | 660  |
| tcaggcatgc cgacttcgtc aaagagaggc ggcattgacct gacgcggagt tggttccggg  | 720  |
| cacogtctgg atggtcgtac cgggaccgga caogtgcgc gcctccaact acatggacac    | 780  |
| gtgtggtgct gccattgggc cgtaocgctg gcggtgacct caccggatgc tgcctcgac    | 840  |
| cgccttgccc acgctttata tagagagggt ttctctccat taatcgcata gcgagtcgaa   | 900  |
| tcgaccgaag gggaggggga gcgaagcttt gcgttctcta atcgctcgt caaggtaact    | 960  |
| aatcaatcac ctogtcctaa toctcgaatc tctcgtggtg cccgtctaata ctgcgcgattt | 1020 |
| tgatgctcgt ggtggaaagc gtaggaggat ccogtgcgag ttagtctcaa tctctcaggg   | 1080 |
| tttcgtgoga ttttaggggt atccacctct taatcgaggt acggtttcgt gcgattttag   | 1140 |
| ggtaatcctc ttaatctctc attgatttag gtttctgtga gaatcgaggt agggatctgt   | 1200 |
| gttatttata tcgatctaata agatggattg gttttgagat tgttctgtca gatggggatt  | 1260 |

gtttcgatat attaccctaa tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatat attaccctaa 1320  
 tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatat attaccctaa tgatggataa taagagtagt 1380  
 tcacagttat gttttgatcc tgccacatag tttgagtttt gtgatcagat ttagttttac 1440  
 ttattttgtgc ttagttcgga tgggattgtt ctgatattgt tccaatagat gaatagctcg 1500  
 ttaggttaaa atcttttaggt tgagttaggc gacacatagt ttatttcttc tggatttgga 1560  
 ttggaattgt gttcttagtt tttttccctt ggatttgga tgggaattgtg tggagctggg 1620  
 ttagagaatt acatctgtat cgtgtacacc tacttgaact gtagagcttg ggttctaagg 1680  
 tcaatttaat ctgtattgta tctggctctt tgccatagttg aactgtagtg ctgatgttgt 1740  
 actgtgtttt tttaaccgtt ttatttgctt tactcgtgca aatcaaactc gtcagatgct 1800  
 agaactaggt ggctttatcc tgtgttctta catagatctg ttgtcctgta gttacttatg 1860  
 tcagttttgt tattatctga agatattttt ggttggtgct tgttgatgtg gtgtgagctg 1920  
 tgagcagcgc tcttatgatt aatgatgctg tccaattgta gtgtagtatg atgtgattga 1980  
 tatgttcac ctttttgagc tgacagtacc gatatcgtag gatctggtgc caacttatcc 2040  
 tccagctgct tttttttacc tatgttaatt ccaatccttt cttgcctctt ccagatccag 2100  
 ataatgcaga aactcattaa ctgagtcaa aactatgcct ggggcagcaa aacggcgttg 2160  
 actgaacttt atggtatgga aaatccgtcc agccagccga tggccgagct gtggatgggc 2220  
 gcacatccga aaagcagttc acgagtgcag aatgcgcgcg gagatatcgt ttcactgcgt 2280  
 gatgtgattg agagtataa atcgactctg ctgcgagagg ccgttgccaa acgctttggc 2340  
 gaactgcctt tctgttcaa agtattatgc gcagcacagc cactctccat tcaggttcat 2400  
 ccaaacaac acaattctga aatcggtttt gccaaagaaa atgccgcagg tatcccgatg 2460  
 gatgccgcgc agcgttaacta taaagatcct aaccacaagc cggagctggt ttttgccgtg 2520  
 acgcctttcc ttgcgatgaa cgcgtttcgt gaattttccg agattgtctc cctactccag 2580  
 ccggtcgcag gtgcacatcc ggcgattgct cactttttac aacagcctga tgccgaacgt 2640  
 ttaagcgaac tgttcgccag cctgttgaat atgcagggtg aagaaaaatc ccgcgcgctg 2700  
 gcgattttta aatcgccctt cgatagccag cagggtgaac cgtggcaaac gattcgttta 2760  
 atttctgaat tttaaccgga agacagcgtt ctgttctccc cgctattgct gaatgtggtg 2820  
 aaattgaacc ctggcgaagc gatgttctg ttgcgtgaaa caccgcacgc ttacctgaa 2880  
 ggcgtggcgc tgggaagtga ggcaaacctc gataacgtgc tgcgtgcggg tctgacgcct 2940  
 aaatacattg atattccgga actggttgcc aatgtgaaat tcgaagccaa accggctaac 3000  
 cagttgttga ccagccggt gaaacaaggt gcagaactgg acttcccgat tccagtggat 3060  
 gattttgcct tctcgtgca tgacctagt gataaagaaa ccaccattag ccagcagagt 3120

gccgccattt tgttctgcgt cgaaggcgat gcaacggtgt ggaaagggtc tcagcagtta 3180  
 cagcttaaac cgggtgaatc agcggtttatt gccgccaacg aatcaccggt gactgtcaaa 3240  
 ggccaaggcc gtttagcgcg tgtttacaac aagctgtaag agcttactga aaaaattaac 3300  
 atctcttgct aagctgggag ctctagatcc ccgaatttcc ccgatcggtc aaacatttgg 3360  
 caataaagtt tcttaagatt gaatcctgtt gccggtcttg cgatgattat catataattt 3420  
 ctgttggaatt acgttaagca tgtaataatt aacatgtaat gcatgacgtt atttatgaga 3480  
 tgggttttta tgattagagt cccgcaatta tacatttaat acgcgataga aaacaaaata 3540  
 tagcgcgcaa actaggataa attatcgcg cgggtgtcat ctatgttact agatcgggaa 3600  
 ttggcgagct cgaattaatt cagtacatta aaaacgtccg caatgtgtta ttaagttgtc 3660  
 taagcgtcaa tttgtttaca ccacaatata tcctgccacc agccagccaa cagctccccg 3720  
 accggcagct cggcacaaaa tcaccactcg atacaggcag cccatcagtc cgggacggcg 3780  
 tcagcgggag agccgttgta aggcggcaga ctttgcctcat gttaccgatg ctattcgga 3840  
 gaacggcaac taagctgccg gggttgaaac acggatgato tcgcggaggg tagcatgttg 3900  
 attgtaacga tgacagagcg ttgctgcctg tgatcaaata tcatctccct cgcagagatc 3960  
 cgaattatca gccttcttat tcatttctcg cttaaccgtg acaggctgtc gatcttgaga 4020  
 actatgccga cataatagga aatcgctgga taaagccgct gaggaagctg agtggcgcta 4080  
 tttctttaga agtgaacgtt gacgatcgtc gaccgtaccc cgatgaatta attcggacgt 4140  
 acgttctgaa cacagctgga tacttacttg ggcgattgtc atacatgaca tcaacaatgt 4200  
 acccgtttgt gtaaccgtct cttggagggt cgtatgacac tagtgggtcc cctcagcttg 4260  
 cgactagatg ttgaggccta acattttatt agagagcagg ctagtgtgctt agatacatga 4320  
 tcttcaggcc gttatctgtc agggcaagcg aaaattggcc atttatgacg accaatgccc 4380  
 cgcagaagct cccatctttg ccgccataga cgcgcgccc cccttttggg gtgtagaaca 4440  
 tccttttgcc agatgtggaa aagaagttcg ttgtcccatt gttggcaatg acgtagtagc 4500  
 cggcgaaagt gcgagaccca tttgcgtat atataagcct acgatttccg ttgcgactat 4560  
 tgtcgtaatt ggatgaacta ttatcgtagt tgctctcaga gttgtcgtaa tttgatggac 4620  
 tattgtcgta attgcttatg gagttgtcgt agttgcttg agaaatgtcg tagttggatg 4680  
 gggagtagtc atagggaaga cgagcttcat ccactaaaac aattggcagg tcagcaagtg 4740  
 cctgccccga tgccatcgca agtacgaggc ttagaaccac cttcaacaga tcgcgcatag 4800  
 tcttccccag ctctctaacg cttgagttaa gccgcgcgc gaagcggcgt cggcttgaa 4860  
 gaattgttag acattatttg ccgactacct tggatgctc gcctttcacg tagtgaacaa 4920  
 attottccaa ctgatctgcg cgcgaggcca agcgatcttc ttgtccaaga taagcctgcc 4980  
 tagcttcaag tatgacgggc tgatactggg ccggcaggcg ctccattgcc cagtcggcag 5040

cgacatcctt cggcgcgatt ttgccggtta ctgcgctgta ccaaagcgcg gacaacgtaa 5100  
 gcactacatt tcgctcatcg ccagcccagt cggggcgga gttccatagc gttaagggtt 5160  
 catttagcgc ctcaaataga tctgttcag gaaccggatc aaagagttcc tccgcccgtg 5220  
 gacctaccaa ggcaacgcta tgttctcttg cttttgtcag caagatagcc agatcaatgt 5280  
 cgatcgtggc tggctcgaag atacctgcaa gaatgtcatt gcgctgcat tctccaaatt 5340  
 gcagttcgcg cttagctgga taacgccacg gaatgatgtc gtcgtgcaca acaatgggtga 5400  
 cttctacagc gcggagaatc tcgctctctc caggggaagc cgaagtttcc aaaaggctcg 5460  
 tgatcaaagc tcgcccgtt gtttcatcaa gccttaaggc caccgtaacc agcaaataca 5520  
 tatcactgtg tggcttcagc ccgccatcca ctgcggagcc gtacaaatgt acggccagca 5580  
 acgtcggttc gagatggcg tcgatgacgc caactacctc tgatagttga gtcgatactt 5640  
 cggcgatcac cgcttccctc atgatgttta actcctgaat taagccgcgc cgcgaagcgg 5700  
 tgtcggcttg aatgaattgt taggcgtcat cctgtgctcc cgagaaccag taccagtaca 5760  
 tcgctgtttc gttcgagact tgaggtctag ttttatacgt gaacaggcca atgccgcga 5820  
 gagtaaagcc acattttgcg taaaaattgc aggcaggtaac attgttcgtt tgtgtctcta 5880  
 atcgtatgcc aaggagctgt ctgcttagtg cccacttttt cgcaaattcg atgagactgt 5940  
 gcgcgactcc tttgcctcgg tgcgtgtgcg acacaacaat gtgttcgata gaggctagat 6000  
 cgttccatgt tgagttgagt tcaatcttcc cgacaagctc ttggtcgatg aatgcgccat 6060  
 agcaagcaga gtcttcatca gagtcacat ccgagatgta atccttccgg taggggctca 6120  
 cacttctggt agatagttca aagccttggt cggatagggt cacatcgaa acttcacgaa 6180  
 caatgaaatg gttctcagca tccaatgttt ccgccacctg ctgagggatc accgaaatct 6240  
 tcatatgacg cctaacgcct ggcacagcgg atcgcaaac tggcgcggct tttggcacia 6300  
 aaggcgtgac aggtttgcga atccgttgct gccacttggt aacccttttg ccagatttg 6360  
 taactataat ttatgttaga ggogaagtct tgggtaaaaa ctggcctaaa attgctggg 6420  
 atttcaggaa agtaaatac accctccggc tcgatgtcta ttgtagatat atgtagtgt 6480  
 tctacttgat cgggggatct gctgcctcgc gcgtttcggg gatgacggtg aaaacctctg 6540  
 acacatgcag ctcccgga cggtcacagc ttgtctgtaa gcggatgcg ggagcagaca 6600  
 agcccgtcag ggcgcgtcag cgggtgttg cgggtgtcgg ggcgcagcca tgaccagtc 6660  
 acgtagcgat agcggagtgt atactggctt aactatgcgg catcagagca gattgtactg 6720  
 agagtgcacc atatgcggtg tgaaataccg cacagatgcg taaggagaaa ataccgcac 6780  
 aggcgtctt ccgcttctc gctcactgac tcgctgcgct cggctcgttcg gctgcggcga 6840  
 gcggtatcag ctactcaaa ggccgtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca 6900

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg  | 6960 |
| ctggcggtttt tccataggct cggcccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt | 7020 |
| cagaggtggc gaaaccogac aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc  | 7080 |
| ctcgtgcgct ctccctgttc gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct  | 7140 |
| tggggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgtgttaggt atctcagttc ggtgtaggtc  | 7200 |
| gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa cccccggtc agcccgaccg ctgcgcctta   | 7260 |
| tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca | 7320 |
| gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag  | 7380 |
| tgggtggccta actacggcta cactagaagg acagtatttg gtatctgcgc tctgtgaag  | 7440 |
| ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggt  | 7500 |
| agcggtggtt tttttgttg caagcagcag attacgcgc gaaaaaagg atctcaagaa     | 7560 |
| gaccccttga tctttctac ggggtctgac gctcagtga acgaaaactc acgttaaggg    | 7620 |
| attttggta tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tcccttttaa ttaaaaatga   | 7680 |
| agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggc ctgacagtta ccaatgctta  | 7740 |
| atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcgtt catccatagt tgccctgactc | 7800 |
| cccgtcgtgt agataactac gatacgggag ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg  | 7860 |
| ataccgcgag acccacgctc accggctcca gatttatcag caataaacca gccagccgga  | 7920 |
| agggccgagc gcagaagtgg tctgcaact ttatccgct ccatccagtc tattaattgt    | 7980 |
| tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt  | 8040 |
| gctgcagggg gggggggggg ggggttccat tgttcattcc acggacaaaa acagagaaag  | 8100 |
| gaaacgacag aggccaaaaa gctcgctttc agcacctgtc gtttcccttc ttttcagagg  | 8160 |
| gtatttttaa taaaaacatt aagttatgac gaagaagaac ggaaacgcct taaaccggaa  | 8220 |
| aattttcata aatagcgaaa acccgcgagg tcgcccgcgc gtaacctgtc ggatcaccgg  | 8280 |
| aaaggacccg taaagtgata atgattatca tctacatatc acaacgtgcg tggaggccat  | 8340 |
| caaaccacgt caaataatca attatgacgc aggtatcgta ttaattgatc tgcacaaact  | 8400 |
| taacgtaaaa acaacttcag acaatacaaa tcagcgacac tgaatacggg gcaacctcat  | 8460 |
| gtcccccccc cccccccct gcaggcatcg tgggtgcacg ctcgctgctt ggtatggctt   | 8520 |
| cattcagctc cggttcccaa cgatcaaggc gagttacatg atccccatg ttgtgcaaaa   | 8580 |
| aagcggttag ctccctcggt cctccgatcg ttgtcagaag taagttggcc gcagtgttat  | 8640 |
| cactcatggt tatggcagca ctgcataatt ctcttactgt catgccatcc gtaagatgct  | 8700 |
| tttctgtgac tgggtagtac tcaaccaagt cattctgaga atagtgtatg cggcgaccga  | 8760 |
| gttgctcttg cccggcgta acaacgggata ataccgcgcc acatagcaga acttttaaag  | 8820 |

|             |             |            |             |             |             |       |
|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------|
| tgctcatcat  | tggaaaacgt  | tcttcggggc | gaaaactctc  | aaggatctta  | ccgctgttga  | 8880  |
| gatccagttc  | gatgtaaccc  | actcgtgcac | ccaactgac   | ttcagcatct  | tttactttca  | 8940  |
| ccagcgtttc  | tgggtgagca  | aaaacaggaa | ggcaaaatgc  | cgcaaaaaag  | ggaataaggg  | 9000  |
| cgacacggaa  | atgttgaata  | ctcatactct | tcctttttca  | atattattga  | agcattttatc | 9060  |
| agggttattg  | tctcatgagc  | ggatacatat | ttgaatgtat  | ttagaaaaat  | aaacaaatag  | 9120  |
| gggttcgcgc  | cacatttccc  | cgaaaagtgc | cacctgacgt  | ctaagaaacc  | attattatca  | 9180  |
| tgacattaac  | ctataaaaat  | aggcgtatca | cgaggccctt  | tcgtcttcaa  | gaattggtcg  | 9240  |
| acgatcttgc  | tgcggttcgga | tattttcgtg | gagttccgc   | cacagaccgc  | gattgaaggc  | 9300  |
| gagatccagc  | aactcgcgcc  | agatcatcct | gtgacggaac  | tttggcgcgt  | gatgactggc  | 9360  |
| caggacgtcg  | gccgaaagag  | cgacaagcag | atcacgcttt  | tcgacagcgt  | cggatttgcg  | 9420  |
| atcgaggatt  | tttcggcgct  | gcgctacgtc | cgcgaccgcg  | ttgagggatc  | aagccacagc  | 9480  |
| agcccactcg  | accttctagc  | cgaccagac  | gagccaagg   | atcttttttg  | aatgctgctc  | 9540  |
| cgtcgtcagg  | ctttccgacg  | tttgggtggt | tgaacagaag  | tcattatcgc  | acggaatgcc  | 9600  |
| aagcactccc  | gaggggaacc  | ctgtggttgg | catgcacata  | caaattggacg | aacggataaa  | 9660  |
| cctttttcacg | ccctttttaa  | tatccgatta | ttctaataaa  | cgctcttttc  | tcttaggttt  | 9720  |
| accgcgcaat  | atatactgtc  | aaacactgat | agtttaaaact | gaaggcgagg  | aacgacaacc  | 9780  |
| tgatcatgag  | cggagaatta  | agggagtcac | gttatgacct  | ccgccgatga  | cgcgggacaa  | 9840  |
| gccgtttttac | gtttggaact  | gacagaaccg | caacgttgaa  | ggagccactc  | agcttaatta  | 9900  |
| agtctaactc  | gagttactgg  | tacgtaccaa | atccatggaa  | tcaaggatcc  | gtcgactcta  | 9960  |
| gtaacggccg  | ccagtgtgct  | ggaattaatt | cggcttgtcg  | accacccaac  | cccatatcga  | 10020 |
| cagaggatgt  | gaagaacagg  | taaatcacgc | agaagaacct  | atctctgata  | gcagctatcg  | 10080 |
| attagaacaa  | cgaatccata  | ttgggtccgt | gggaaatact  | tactgcacag  | gaagggggag  | 10140 |
| atctgacgag  | gccccgccac  | cggcctcgac | ccgaggccga  | ggccgacgaa  | gcgccggcga  | 10200 |
| gtacggcgcc  | gcggcgccct  | ctgcccgctc | cctctgcgcg  | tgggagggag  | aggccgcggt  | 10260 |
| ggtgggggag  | cgcgcgcgcg  | cgcgcgcagc | tggtgcggcg  | gcgcgggggt  | cagccgcoga  | 10320 |
| gccggcgggc  | acggaggagc  | agggcggcgt | ggacgcgaac  | ttccgatcgg  | ttggtcagag  | 10380 |
| tgcgcgagtt  | gggcttagcc  | aattaggtct | caacaatcta  | ttgggcccga  | aaattcatgg  | 10440 |
| gccctggttt  | gtctaggccc  | aatatcccg  | tcatttcagc  | ccacaaatat  | ttcccagag   | 10500 |
| gattattaag  | gcccacacgc  | agcttatagc | agatcaagta  | cgatgtttcc  | tgatcggttg  | 10560 |
| atcggaacg   | tacggtcttg  | atcaggcatg | ccgacttcgt  | caaagagagg  | cggcatgacc  | 10620 |
| tgacgcggag  | ttggttccgg  | gcaccgtctg | gatggtcgta  | ccgggaccgg  | acacgtgtcg  | 10680 |

cgcctccaac tacatggaca cgtgtggtgc tgccattggg ccgtacgcgt ggcggtgacc 10740  
 gcaccggatg ctgcctcgca ccgccttgcc cacgctttat atagagaggt tttctctcca 10800  
 ttaatcgcat agcgagtcga atcgaccgaa ggggaggggg agcgaagctt tgcgttctct 10860  
 aatcgccctcg tcaaggtaac taatcaatca cctcgtccta atcctcgaat ctctcgtggt 10920  
 gcccgctctaa tctcgcgatt ttgatgctcg tgggtgaaag cgtaggagga tcccgtcga 10980  
 gttagtctca atctctcagg gtttcgtgcg attttagggg gatccacctc ttaatcgagt 11040  
 tacggtttctg tgcgatttta gggtaatcct cttaatctct cattgattta gggtttcgtg 11100  
 agaatcgagg tagggatctg tgttatattat atcgatctaa tagatggatt ggttttgaga 11160  
 ttggtctgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat 11220  
 tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta 11280  
 atgatggata ataagagtag ttcacagtta tgttttgatc ctgccacata gtttgagttt 11340  
 tgtgatcaga tttagtttta ctattttgtg cttagttcgg atgggattgt tctgatattg 11400  
 ttccaataga tgaatagctc gttaggttaa aatctttagg ttgagttagg cgacacatag 11460  
 tttatttctt ctggatttgg attggaattg tgttcttagt ttttttcccc tggatttga 11520  
 ttggaattgt gtggagctgg gttagagaat tacatctgta tcgtgtacac ctacttgaac 11580  
 tgtagagctt ggggttctaag gtcaatttaa tctgtattgt atctggctct ttgcctagtt 11640  
 gaactgtagt gctgatgttg tactgtgttt ttttaaccgt tttatttgct ttactcgtgc 11700  
 aatcaaatac tgtcagatgc tagaactagg tggctttatt ctgtgttctt acatagatct 11760  
 gttgtcctgt agttacttat gtcagttttg ttattatctg aagatatttt tggttgttgc 11820  
 ttgttgatgt ggtgtgagct gtgagcagcg ctcttatgat taatgatgct gtccaattgt 11880  
 agttagtat gatgtgattg atatgttcat ctattttgag ctgacagtac cgatatcgta 11940  
 ggatctggtg ccaacttatt ctccagctgc ttttttttac ctatgttaat tccaatcctt 12000  
 tcttgccctct tccagatoca gataatgcaa acaagcatta ctctgacatc caacgcatcc 12060  
 ggtacgtttg acggttacta ttacgaactc tgggaaggata ctggcaatac aacaatgacg 12120  
 gtctacactc aaggtcgctt ttccctgccag tggtcgaaca tcaataacgc gttgttttagg 12180  
 accggaaga aatacaacca gaattggcag tctcttgga caatccggat cacgtactct 12240  
 gcgacttaca acccaaacgg gaactcctac ttgtgtatct atggctggct taccaacca 12300  
 ttggtcgagt tctacatcgt tgagtcctgg gggaaactgga gaccgcctgg tgccctgctg 12360  
 gccgagggct cgctcgtctt ggacgcggct accgggcaga gggtcctat cgaaaagggtg 12420  
 cgtccgggga tggaagtttt ctccctggga cctgattaca gactgtatcg ggtgcccggtt 12480  
 ttggaggtcc ttgagagcgg ggttagggaa gttgtgcgcc tcagaactcg gtcagggaga 12540  
 acgctggtgt tgacaccaga tcaccgcctt ttgacccccg aaggttgga accctcttgt 12600

|            |            |             |             |             |            |       |
|------------|------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------|
| gacctccgcg | ttggaactcc | aattgcagtc  | ccgcgagaac  | tgcctgtggc  | gggccacttg | 12660 |
| gccccacctg | aagaacgtgt | taogctcctg  | gctcttctgt  | tgggggatgg  | gaacacaaag | 12720 |
| ctgtcgggtc | ggagaggtac | acgtccta    | gccttcttct  | acagcaaaaa  | ccccgaattg | 12780 |
| ctcgcggctt | atcgccggtg | tgcagaagcc  | ttgggtgcaa  | aggtgaaagc  | atacgtccac | 12840 |
| ccgactacgg | gggtggttac | actcgcaacc  | ctcgtctccac | gtcctggagc  | tcaagatcct | 12900 |
| gtcaaacgoc | tcggtgtcga | ggcggaatg   | gttgctaaag  | ccgaagagaa  | gaggggtccc | 12960 |
| gaggaggtgt | ttcggtaccg | gcgtgaggcg  | ttggcccttt  | tcttgggccc  | tttgttctcg | 13020 |
| acagacggct | ctgttgaaaa | gaagaggatc  | tcttattcaa  | gtgccagttt  | gggactggcc | 13080 |
| caggatgtcg | cacatctctt | gctgctcctt  | ggaattacat  | ctcaactccg  | ttcgagaggg | 13140 |
| ccacgggctc | acgaggttct | tatatcgggc  | cgcgaggata  | ttttgcgggt  | tgtgaaactt | 13200 |
| atcggaccct | acctcttggg | ggccaagagg  | gagagacttg  | cagcgtgga   | agctgaggcc | 13260 |
| cgcaggcggt | tgcctggaca | gggatggcac  | ttgcggcttg  | ttcttctctg  | cgtggcgtag | 13320 |
| agagtgggog | aggcggaaag | gcgctcggga  | ttttcgtgga  | gtgaagccgg  | tcggcgcgtc | 13380 |
| gcagttgcgg | gatcgtgttt | gtcatctgga  | ctcaacctca  | aattgcccag  | acgctacctt | 13440 |
| tctcggcaac | ggttgctcgt | gctcggtag   | gcttttgccg  | accctgggct  | ggaagcgctc | 13500 |
| gcggaaggcc | aagtgtctct | ggaccctatt  | gttgctgtcg  | aaccggccgg  | taaggcgaga | 13560 |
| acattcgact | tgcgcgttcc | accctttgca  | aacttcgtga  | gcgaggacct  | ggtggtgcat | 13620 |
| aacaccgtcc | ccctgggcca | agtgacaatc  | gatggcgga   | cctacgacat  | ctataggacg | 13680 |
| acacgcgtca | accagccttc | cattgtgggg  | acagccacgt  | tcgatcagta  | ctggagcggt | 13740 |
| cgcacctcta | agcggacttc | aggaacagtg  | accgtgaccg  | atcacttccg  | cgcctgggog | 13800 |
| aaccggggcc | tgaacctcgg | cacaatagac  | caaattacat  | tgtgcgtgga  | gggttaccaa | 13860 |
| agctctggat | cagccaacat | caccagaac   | accttctctc  | agggctcttc  | ttccggcagt | 13920 |
| tcgggtggct | catccggctc | cacaacgact  | actcgcatcg  | agtgtgagaa  | catgtccttg | 13980 |
| tcgggacctt | acgttagcag | gatcaccaat  | ccctttaatg  | gtattgcgct  | gtacgccaac | 14040 |
| ggagacacag | ccgcgcgtac | cggttaacttc | cccgcaagtc  | gcaactacaa  | tttccgcctg | 14100 |
| cgggggttgc | gcaacaacaa | taatcttgcc  | cgtgtggacc  | tgaggatcga  | cggacggacc | 14160 |
| gtcgggacct | tttattacca | gggcacatac  | ccctgggagg  | cccccaattga | caatgtttat | 14220 |
| gtcagtgcgg | ggagtcatac | agtcgaaatc  | actgttactg  | cggataacgg  | cacatgggac | 14280 |
| gtgtatgcgg | actacctggt | gatacagtga  | cctaggtccc  | cgaatttccc  | cgatcggtca | 14340 |
| aacatttggc | aataaagttt | cttaagattg  | aatcctgttg  | ccggctcttg  | gatgattatc | 14400 |
| atataatttc | tgttgaatta | cggttaagcat | gtaataatta  | acatgtaatg  | catgacgtta | 14460 |

tttatgagat ggggtttttat gattagagtc ccgcaattat acattttaata cgcgatagaa 14520  
aacaaaatat agcgcgcaaa ctaggataaa ttatcgcgcg cgggtgtcatc tatgttacta 14580  
gatcgggaat tgg 14593

<210> 73  
<211> 14665  
5 <212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
10 <223> Construcción sintética, pAG2228

<400> 73

aattcatact aaagcttgca tgcctgcagg tcgactctag taacggccgc cagtgtgctg 60  
gaattaattc ggcttgctga ccaccaacc ccatatcgac agaggatgtg aagaacaggt 120  
aaatcacgca gaagaaccga tctctgatac cagctatcga ttagaacaac gaatccatat 180  
tggtgcgtg ggaaataactt actgcacagg aagggggcga tctgacgagg ccccgccacc 240  
ggcctcgacc cgaggccgag gccgacgaag cgcggcgag tacggcgccg cggcgccctc 300  
tgcccgctgc ctctgcgcgt gggagggaga ggccgcggtg gtggggggcg gcgcgcgcgc 360  
gcgcgcgagct ggtgcggcgg cgcgggggtc agccgcgag ccggcgcgga cggaggagca 420  
gggcggcggtg gacgcgaact tccgatcgtg tggtcagagt gcgcgagttg ggcttagcca 480  
attaggtctc aacaatctat tgggcccgtg aattcatggg ccctggtttg tctaggccca 540  
atatccggtt catttcagcc caccatatt tcccagagg attattaagg ccacacgca 600  
gcttatagca gatcaagta gatgtttcct gatcgttga tcggaaacgt acggtcttga 660  
tcaggcatgc cgacttcgtc aaagagaggg ggcattgacct gacgcggagt tggttccggg 720  
caccgtctgg atggctgtac cgggaccgga caogtgcgc gcctccaact acatggacac 780  
gtgtggtgct gccattgggc cgtacgcgtg gcggtgaccg caccggatgc tgcctgcac 840  
cgccctgcgc acgctttata tagagaggtt ttctctccat taatgcata gogagtcgaa 900  
tcgaaccgaag gggaggggga gcgaagcttt gcgttctcta atcgccctgt caaggtaact 960  
aatcaatcac ctgcctccta tctcgaatc tctcgtggtg cccgtctaat ctgcgcgattt 1020  
tgatgctcgt ggtggaaagc gtaggaggt cccgtgcgag ttagtctcaa tctctcaggg 1080  
tttcgtgcga ttttaggggtg atccacctct taatcgagtt acggtttcgt gcgattttag 1140  
ggtaatoctc ttaatctctc attgatttag ggtttcgtga gaatcgaggt agggatctgt 1200  
gttatttata tcgatctaat agatggattg gttttgagat tgttctgtca gatggggatt 1260  
gtttcgatat attaccta taatgtgtca gatggggatt gtttcgatata attaccta 1320  
tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatata attaccta taatgtgtca taagagtagt 1380  
tcacagttat gttttgatcc tgccacatag tttgagtttt gtgatcagat ttagttttac 1440

|             |             |             |             |             |             |      |
|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| ttattttgtgc | ttagttcggg  | tgggattggt  | ctgatattgt  | tccaatagat  | gaatagctcg  | 1500 |
| ttaggttaaa  | atcttttaggt | tgagtttaggc | gacacatagt  | ttatttcctc  | tggattttgga | 1560 |
| ttggaattgt  | gttcttagtt  | tttttccct   | ggattttggat | tggaattgtg  | tggagctggg  | 1620 |
| ttagagaatt  | acatctgtat  | cgtgtacacc  | tacttgaact  | gtagagcttg  | ggttctaagg  | 1680 |
| tcaatttaat  | ctgtattgta  | tctggctctt  | tgcctagttg  | aactgtagtg  | ctgatgttgt  | 1740 |
| actgtgtttt  | tttaccggt   | ttatttgctt  | tactcgtgca  | aatcaaatct  | gtcagatgct  | 1800 |
| agaactaggt  | ggctttattc  | tgtgttctta  | catagatctg  | ttgtcctgta  | gttacttatg  | 1860 |
| tcagttttgt  | tattatctga  | agatattttt  | ggttggtgct  | tgttgatgtg  | gtgtgagctg  | 1920 |
| tgagcagcgc  | tottatgatt  | aatgatgctg  | tccaattgta  | gtgtagtatg  | atgtgattga  | 1980 |
| tatgttcata  | tattttgagc  | tgacagtacc  | gatatactag  | gatctggtgc  | caacttattc  | 2040 |
| tccagctgct  | tttttttacc  | tatgttaatt  | ccaatccttt  | cttgccctctt | ccagatccag  | 2100 |
| ataatgcaga  | aactcattaa  | ctcagtgcga  | aactatgcct  | ggggcagcaa  | aacggcggtg  | 2160 |
| actgaacttt  | atggtatgga  | aaatccgtcc  | agccagccga  | tggccgagct  | gtggatgggc  | 2220 |
| gcacatccga  | aaagcagttc  | acgagtgcag  | aatgccgccg  | gagatatcgt  | ttcactgcgt  | 2280 |
| gatgtgattg  | agagtgataa  | atcgactctg  | ctcggagagg  | ccgttgccaa  | acgctttggc  | 2340 |
| gaactgcctt  | tcctgttcaa  | agtattatgc  | gcagcacagc  | cactctccat  | tcaggttcat  | 2400 |
| ccaaacaaac  | acaattctga  | aatcgggtttt | gccaaagaaa  | atgccgcagg  | tatcccgatg  | 2460 |
| gatgccgccg  | agcgtaacta  | taaagatcct  | aaccacaagc  | cggagctggt  | ttttgcgctg  | 2520 |
| acgcctttcc  | ttgcgatgaa  | cgcgtttcgt  | gaattttccg  | agattgtctc  | cctactccag  | 2580 |
| ccggtcgcag  | gtgcacatcc  | ggcgattgct  | cactttttac  | aacagcctga  | tgccgaacgt  | 2640 |
| ttaagcgaac  | tgttcgccag  | cctggtgaat  | atgcagggtg  | aagaaaaatc  | ccgcgcgctg  | 2700 |
| gcgattttta  | aatcggccct  | cgatagccag  | cagggtgaac  | cgtggcaaac  | gattcgttta  | 2760 |
| atttctgaat  | tttaccggga  | agacagcggg  | ctgttctccc  | cgtatttgct  | gaatgtgggtg | 2820 |
| aaattgaacc  | ctggcgagc   | gatgttctctg | ttcgtgaaa   | caccgcacgc  | ttacctgcaa  | 2880 |
| ggcgtggcgc  | tgggaagtgat | ggcaaaactcc | gataacgtgc  | tgcgtgcggg  | tctgaacgct  | 2940 |
| aaatacattg  | atattccgga  | actggttgcc  | aatgtgaaat  | togaagccaa  | accggctaac  | 3000 |
| cagttgttga  | cccagccggg  | gaaacaaggt  | gcagaactgg  | acttcccgat  | tccagtggat  | 3060 |
| gattttgcct  | tctcgtgca   | tgaccttagt  | gataaagaaa  | ccaccattag  | ccagcagagt  | 3120 |
| gccgccattt  | tgttctgcgt  | cgaaggcgat  | gcaacgttgt  | ggaaagggtc  | tcagcagtta  | 3180 |
| cagcttaaac  | cgggtgaatc  | agcgtttatt  | gccgccaacg  | aatcaccggg  | gactgtcaaa  | 3240 |
| ggccacggcc  | gtttagcgcg  | tgtttacaac  | aagctgtaag  | agcttactga  | aaaaattaac  | 3300 |

atctcttgct aagctgggag ctctagatcc ccgaatttcc ccgatcggtc aaacatttgg 3360  
 caataaagtt tottaagatt gaatcctggt gccggtcttg cgatgattat catataattt 3420  
 ctggtgaatt acgttaagca tgtaataatt aacatgtaat gcatgacgtt atttatgaga 3480  
 tgggttttta tgattagagt ccgcaatta tacatttaat acgcgataga aaacaaaata 3540  
 tagcgcgcaa actaggataa attatcgcg cgggtgtcat ctatgttact agatcgggaa 3600  
 ttggcgagct cgaattaatt cagtacatta aaaacgtccg caatgtgtta ttaagttgtc 3660  
 taagcgtaaa tttgtttaca ccacaatata tcctgccacc agccagccaa cagctccccg 3720  
 accggcgagct cggcacaaaa tcaccactcg atacaggcag cccatcagtc cgggacggcg 3780  
 tcagcgggag agccgttgta aggcggcaga ctttgcctcat gttaccgatg ctattcggaa 3840  
 gaacggcaac taagctgcg gggttgaaac acggatgatc tcgcggaggg tagcatgttg 3900  
 attgtaacga tgacagagcg ttgctgcctg tgatcaaata tcctctccct cgcagagatc 3960  
 cgaattatca gccttcttat tcatttctcg cttaaccgtg acaggctgtc gatcttgaga 4020  
 actatgccga cataatagga aatcgctgga taaagccgct gaggaagctg agtggcgcta 4080  
 tttctttaga agtgaacgtt gacgatcgtc gaccgtaccc cgatgaatta attcggacgt 4140  
 acgttctgaa cacagctgga tacttacttg ggcgattgtc atacatgaca tcaacaatgt 4200  
 acccgtttgt gtaaccgtct ctgggaggtt cgtatgacac tagtggttcc cctcagcttg 4260  
 cgactagatg ttgaggccta acattttatt agagagcagg ctagttgctt agatacatga 4320  
 tcttcaggcc gttatctgtc agggcaagcg aaaattggcc atttatgacg accaatgcc 4380  
 cgcagaagct cccatctttg ccgccataga cgcgcgccc cccttttggg gtgtagaaca 4440  
 tccttttgcc agatgtggaa aagaagttcg ttgtccatt gttggcaatg acgtagtagc 4500  
 cggcgaaagt gcgagaccca tttgcgtat atataagcct acgatttccg ttgcgactat 4560  
 tgctgtaatt ggatgaacta ttatcgtagt tgctctcaga gttgtcgtaa tttgatggac 4620  
 tattgtcgta attgcttatg gagttgtcgt agttgcttg agaaatgtcg tagttggatg 4680  
 gggagtagtc ataggggaaga cgagcttcat ccactaaaac aattggcagg tcagcaagtg 4740  
 cctgccccga tgccatcgca agtacgaggc ttagaaccac cttcaacaga tcgcgcatag 4800  
 tcttccccag ctctctaacy cttgagttaa gccgcgccgc gaagcggcgt cggcttgaac 4860  
 gaattgttag acattatttg ccgactacct tggtagctc gcctttcacg tagtgaacaa 4920  
 attcttccaa ctgatctgcg cgcgaggcca agcgatcttc ttgtccaaga taagcctgcc 4980  
 tagcttcaag tatgacgggc tgatactggg ccggcaggcg ctccattgcc cagtcggcag 5040  
 cgacatcctt cggcgcgatt ttgccggtta ctgcgctgta ccaaatgcgg gacaacgtaa 5100  
 gcactacatt tcgctcatcg ccagcccagt cgggcggcga gttccatagc gtttaaggttt 5160  
 catttagcgc ctcaaataga tcctgttcag gaaccggatc aaagagttcc tccgcgcgtg 5220

gacctaccaa ggcaacgcta tgttctcttg cttttgtcag caagatagcc agatcaatgt 5280  
 cgatcgtggc tggctogaag atacctgcaa gaatgtcatt gcgctgccat tctccaaatt 5340  
 gcagttcgcg cttagctgga taacgccacg gaatgatgtc gtcgtgcaca acaatggtga 5400  
 cttctacagc gcggagaatc tcgctctctc caggggaagc cgaagtttcc aaaaggtcgt 5460  
 tgatcaaagc tcgcgcggtt gtttcatcaa gccttacggt caccgtaacc agcaaataca 5520  
 tatcactgtg tggcttcagg ccgccatcca ctgcggagcc gtacaaatgt acggccagca 5580  
 acgtcggttc gagatggcgc tcgatgacgc caactacctc tgatagttga gtcgatactt 5640  
 cggcgatcac cgcttccctc atgatgttta actcctgaat taagccgcgc cgcgaagcgg 5700  
 tgtcggcttg aatgaattgt taggcgtcat cctgtgctcc cgagaaccag taccagtaca 5760  
 tcgctgtttc gttcgagact tgaggtctag ttttatacgt gaacaggtca atgccgccga 5820  
 gagtaaagcc acatthttgcg taaaaattgc aggcaggtac attgttcgtt tgtgtctcta 5880  
 atcgtatgcc aaggagctgt ctgcttagtg cccacttttt cgcaaattcg atgagactgt 5940  
 gcgcgactcc tttgcctcgg tgcgtgtgcg acacaacaat gtgttcgata gaggctagat 6000  
 cgttccatgt tgagttgagt tcaatcttcc cgacaagctc ttggtcgatg aatgcgccat 6060  
 agcaagcaga gtcttcatca gagtcatcat ccgagatgta atccttccgg taggggctca 6120  
 cacttctggt agatagttca aagccttggt cggataggtg cacatcgaac acttcacgaa 6180  
 caatgaaatg gttctcagca tccaatgttt ccgccacctg ctcagggatc accgaaatct 6240  
 tcatatgacg cctaacgcct ggcacagcgg atcgcaaacc tggcgcggct tttggcacia 6300  
 aaggcgtgac aggtttgcga atccgttgct gccacttggt aacctttttg ccagatttgg 6360  
 taactataat ttatgttaga ggcgaagtct tgggtaaaaa ctggcctaaa attgctgggg 6420  
 atttcaggaa agtaaacatc accttccggc tcgatgtcta ttgtagatat atgtagtgt 6480  
 tctacttgat cgggggatct gctgcctcgc gcgtttcggg gatgacggtg aaaacctctg 6540  
 acacatgcag ctcccgagga cggtcacagc ttgtctgtaa gcggatgccg ggagcagaca 6600  
 agcccgtcag ggcgcgtcag cgggtgttgg cgggtgtcgg ggcgcagcca tgaccagtc 6660  
 acgtagcgat agcggagtgt atactggctt aactatgcgg catcagagca gattgtactg 6720  
 agagtgcacc atatgcggtg tgaaataccg cacagatgcg taaggagaaa ataccgcac 6780  
 aggcgctctt ccgcttccct gctcactgac tcgctgcgct cggctgctcg gctgcggcga 6840  
 gcggtatcag ctcaactcaa ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca 6900  
 ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg 6960  
 ctggcggttt tccataggct ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt 7020  
 cagaggtggc gaaacccgac aggaactataa agataccagg cgtttccccc tggaagctcc 7080

ctcgtgcgct ctccctgttc gacctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct 7140  
tcgggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc 7200  
gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa ccccccgttc agcccgaccg ctgcgcctta 7260  
tccggtaact atcgtcttga gtccaacccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca 7320  
gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag 7380  
tggtggccta actacggcta cactagaagg acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag 7440  
ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggt 7500  
agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg atctcaagaa 7560  
gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg 7620  
attttggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tccttttaaa ttaaaaatga 7680  
agtttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggc ctgacagtta ccaatgctta 7740  
atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcggt catccatagt tgcctgactc 7800  
cccgtcgtgt agataactac gatacgggag ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg 7860  
ataccgcgag acccacgctc accggctcca gatttatcag caataaacca gccagccgga 7920  
agggccgagc gcagaagtgg tcttgcaact ttatccgcct ccattccagtc tattaattgt 7980  
tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt 8040  
gctgcagggg gggggggggg ggggttccat tgttcattcc acggacaaaa acagagaaag 8100  
gaaacgacag aggccaaaaa gctcgcttcc agcacctgtc gtttccttcc ttttcagagg 8160  
gtatttttaa taaaaacatt aagttatgac gaagaagaac ggaaacgcct taaaccggaa 8220  
aattttcata aatagcgaag acccgcgagg tcgcccgcgc gtaacctgtc ggatcacccg 8280  
aaaggaccgc taaagtgata atgattatca tctacatata acaacgtgcg tggaggccat 8340  
caaaccacgt caaataatca attatgacgc aggtatcgta ttaattgac tgcatcaact 8400  
taacgtaaaa acaacttcag acaatacaaa tcagcgacac tgaatacggg gcaacctcat 8460  
gtcccccccc cccccccctc gcaggcatcg tgggtgcacg ctcgctgctt ggtatggctt 8520  
cattcagctc cggttcccaa cgatcaaggc gagttacatg atccccatg ttgtgcaaaa 8580  
aagcggtagt ctcttcgggt cctccgatcg ttgtcagaag taagttggcc gcagtgttat 8640  
cactcatggt tatggcagca ctgcataatt ctcttactgt catgccatcc gtaagatgct 8700  
tttctgtgac tggtagtagc tcaaccaagt cattctgaga atagtgtatg cggcgaccga 8760  
gttgcctctg cccggcgta acacgggata ataccgcgcc acatagcaga actttaaaag 8820  
tgctcatcat tggaaaacgt tcttcggggc gaaaactctc aaggatctta ccgctgttga 8880  
gatccagttc gatgtaaccc actcgtgcac ccaactgac ttcagcatct tttactttca 8940  
ccagcgtttc tgggtgagca aaaacaggaa ggcaaaatgc cgcaaaaaag ggaataaggg 9000

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| cgacacggaa atgttgaata ctcatactct tcctttttca atattattga agcatttato  | 9060  |
| agggttattg tctcatgagc ggatacatat ttgaatgtat ttagaaaaat aaacaaatag  | 9120  |
| gggttccgag cacattttcc cgaaaagtgc cacctgaagt ctaagaaacc attattatca  | 9180  |
| tgacattaac ctataaaaat aggcgtatca cgaggccctt tcgtcttcaa gaattggtcg  | 9240  |
| acgatcttgc tgcgttcgga tattttctgt gagttccgcg cacagaccgc gattgaaggc  | 9300  |
| gagatccagc aactcgcgcg agatcatcct gtgacggaac tttggcgcgt gatgactggc  | 9360  |
| caggacgtcg gccgaaagag cgacaagcag atcacgcttt tcgacagcgt cggattttgcg | 9420  |
| atcgaggatt tttcggcgcg gcgctacgtc cgcgaccgcg ttgagggatc aagccacagc  | 9480  |
| agcccactcg acctttctagc cgaccagac gagccaaggg atcttttttg aatgctgctc  | 9540  |
| cgtcgtcagg ctttccgacg tttgggtggt tgaacagaag tcattatcgc acggaatgcc  | 9600  |
| aagcactccc gaggggaacc ctgtggttgg catgcacata caaatggacg aacggataaa  | 9660  |
| ccttttcacg cccttttaaa tatccgatta ttotaataaa cgctcttttc tcttaggttt  | 9720  |
| acccgccaat atatcctgtc aaacactgat agtttaaaact gaaggcggga aacgacaacc | 9780  |
| tgatcatgag cggagaatta agggagtcac gttatgaccc ccgccgatga cgcgggacaa  | 9840  |
| gccgttttac gtttggaact gacagaaccg caacgttgaa ggagccactc agcttaatta  | 9900  |
| agtctaactc gagttactgg tacgtaccaa atccatggaa tcaaggtacc gtcgactcta  | 9960  |
| gtaacggccg ccagtgtgct ggaattaatt cggcttgtcg accaccaac cccatatcga   | 10020 |
| cagaggatgt gaagaacagg taaatcacgc agaagaacc atctctgata gcagctatcg   | 10080 |
| attagaacaa cgaatccata ttgggtccgt gggaaatact tactgcacag gaagggggcg  | 10140 |
| atctgacgag gcccgcgac cggcctcgac ccgaggccga ggccgacgaa gcgccggcga   | 10200 |
| gtacggcgcc gcggcgccct ctgcccgtgc cctctgcgcg tgggaggag aggcgcgggt   | 10260 |
| ggtggggggc gcgcgcgcgc cgcgcgcgcg tggtgcggcg gcgcgggggt cagccgcgga  | 10320 |
| gccggcgggc acggaggagc agggcggcgt ggacgcgaac ttccgatcgg ttggtcagag  | 10380 |
| tgcgcgagtt gggcttagcc aattaggtct caacaatcta ttgggccgta aaattcatgg  | 10440 |
| gccctggttt gtctaggccc aatatccgt tcatttcagc ccacaaatat tccccagag    | 10500 |
| gattattaag gccacacgc agcttatagc agatcaagta cgatgtttcc tgatcgttgg   | 10560 |
| atcgaaaacg tacggtcttg atcaggcatg ccgacttcgt caaagagagg cggcatgacc  | 10620 |
| tgacgcggag ttggttccgg gcaccgtctg gatggtcgta ccgggaccgg acacgtgtcg  | 10680 |
| cgctccaac tacatggaca cgtgtggtgc tgccattggg ccgtacgcgt gcgggtgacc   | 10740 |
| gcaccggatg ctgcctcgca ccgccttgcc cacgctttat atagagaggt tttctctcca  | 10800 |
| ttaatcgcat agcgagtoga atcgaccgaa ggggaggggg agcgaagctt tgcgttctct  | 10860 |

|                                                                     |       |
|---------------------------------------------------------------------|-------|
| aatgcctcgc tcaaggtaac taatcaatca cctcgtccta atcctcgaat ctctcgtggt   | 10920 |
| gcccgctctaa totcgcgatt ttgatgctcg tgggtggaaag cgtaggagga tcccggtcga | 10980 |
| gttagtctca atctctcagg gtttcgtcgc attttagggg gatccacctc ttaatcgagt   | 11040 |
| tacgggtttcg tgcgatttta gggtaatcct cttaatctct cattgattta ggggtttcgtg | 11100 |
| agaatcgagg tagggatctg tgttatttat atcgatctaa tagatggatt ggttttgaga   | 11160 |
| ttgttctgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat   | 11220 |
| tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta   | 11280 |
| atgatggata ataagagtag ttcacagtta tgttttgatc ctgccacata gtttgagttt   | 11340 |
| tgtgatcaga tttagtttta cttatttgtg cttagttcgg atgggattgt tctgatattg   | 11400 |
| ttccaataga tgaatagctc gttaggttaa aatctttagg ttgagttagg cgacacatag   | 11460 |
| tttatttctc ctggatttgg attggaattg tgttcttagt ttttttcccc tggatttggg   | 11520 |
| ttggaattgt gtggagctgg gttagagaat tacatctgta tcgtgtacac ctacttgaac   | 11580 |
| tgtagagctt gggttctaag gtcaatttaa tctgtattgt atctggctct ttgcctagtt   | 11640 |
| gaactgtagt gctgatgttg tactgtgttt ttttaccogt tttatttgc tttactcgtgc   | 11700 |
| aaatcaaate tgcacagatc tagaactagg tggctttatt ctgtgttctt acatagatct   | 11760 |
| gttgctcctgt agttacttat gtcagttttg ttattatctg aagatatttt tgggtgttgc  | 11820 |
| ttgttgatgt ggtgtgagct gtgagcagcg ctcttatgat taatgatgct gtccaattgt   | 11880 |
| agtgtagtat gatgtgattg atatgttcat ctattttgag ctgacagtac cgatatcgta   | 11940 |
| ggatctggtg ccaacttatt ctccagctgc ttttttttac ctatgttaat tccaatcctt   | 12000 |
| tcttgccctc tccagatcca gataatggcg aacaaacatt tgtccctctc cctcttctc    | 12060 |
| gtcctccttg gcctgtcggc cagcttggcc tccgggcaac aaacaagcat tactctgaca   | 12120 |
| tccaacgcct ccggtacgtt tgacggttac tattacgaac tctggaagga tactggcaat   | 12180 |
| acaacaatga cgggtctacac tcaaggctcg ttttctgtcc agtggctgaa catcaataac  | 12240 |
| gcgttgttta ggaccgggaa gaaatacaac cagaattggc agtctcttgg cacaatocgg   | 12300 |
| atcacgtact ctgcgactta caacccaaac gggaactcct acttgtgtat ctatggctgg   | 12360 |
| tctaccaacc cattggctga gttctacatc gttgagctct gggggaactg gagaccgcct   | 12420 |
| ggtgcctgcc tggccgaggg ctgcctcgtc ttggacgcgg ctaccgggca gagggtccct   | 12480 |
| atcgaaaagg tgcgtccggg gatggaagtt ttctccttgg gacctgatta cagactgtat   | 12540 |
| cggtgccccg ttttgagagt ccttgagagc ggggttaggg aagttgtgcg cctcagaact   | 12600 |
| cggtcagggg gaacgctggt gttgacacca gatcaccgcg ttttgacccc cgaagggttg   | 12660 |
| aaacctcttt gtgacctccc gottggaact ccaattgcag tccccgcaga actgcctgtg   | 12720 |
| gcgggcccact tggccccacc tgaagaacgt gttacgctcc tggctcttct gttgggggat  | 12780 |

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| gggaacacaa agctgtcggg tcggagaggt acacgtccta atgccttctt ctacagcaaa  | 12840 |
| aaccccgaaat tgctcgcggc ttatcgccgg tgtgcagaag ccttgggtgc aaaggtgaaa | 12900 |
| gcatacgtcc acccgactac gggggtggtt acactcgcaa cctcgcctcc acgtcctgga  | 12960 |
| gctcaagatc ctgtcaaacg cctcgttgtc gaggcgggaa tggttgctaa agccgaagag  | 13020 |
| aagaggggtcc cggaggaggt gtttcgttac cggcgtgagg cgttggccct tttcttgggc | 13080 |
| cgtttgttct cgacagacgg ctctgttgaa aagaagagga tctcttattc aagtgccagt  | 13140 |
| ttgggactgg cccaggatgt cgcacatctc ttgctgcgcc ttggaattac atctcaactc  | 13200 |
| cgttcgagag ggccacgggc tcacgaggtt cttatatcgg gccgcgagga tattttgcgg  | 13260 |
| tttgctgaac ttatcggacc ctacctcttg ggggccaaga gggagagact tgcagcgtg   | 13320 |
| gaagctgagg cccgcaggcg tttgcctgga cagggatggc acttgcggct tgttcttct   | 13380 |
| gccgtggcgt acagagtggg cgaggcggaa aggcgctcgg gattttcgtg gagtgaagcc  | 13440 |
| ggtcggcgcg tcgcagttgc gggatcgtgt ttgtcatctg gactcaacct caaattgccc  | 13500 |
| agaocgtacc tttctcggca ccggttgctg ctgctcgggt aggccttttg cgacctggg   | 13560 |
| ctggaagcgc tcgcggaagg ccaagtgtc tcgggacccta ttgttgctgt cgaaccggcc  | 13620 |
| ggtaaggcga gaacattcga cttgcgcgtt ccacctttg caaacttcgt gagcgaggac   | 13680 |
| ctggtggtgc ataacaccgt cccctgggc caagtgcacaa tcgatggcgg gacctacgac  | 13740 |
| atctatagga cgacacgcgt caaccagcct tcatttgtgg ggacagccac gttcgatcag  | 13800 |
| tactggagcg tgcgcacctc taagcggact tcaggaacag tgaccgtgac cgatcacttc  | 13860 |
| cgcgcctggg cgaaccgggg cctgaacctc ggcacaatag accaaattac attgtgcgtg  | 13920 |
| gagggttacc aaagctctgg atcagccaac atcaccaga acaccttctc tcagggctct   | 13980 |
| tcttcggca gttcgggtgg ctcatccggc tcacacaaga ctactcgcac cgagtgtgag   | 14040 |
| aacatgtcct tgtccggacc ctacgttagc aggatcacca atccctttaa tggatttgcg  | 14100 |
| ctgtacgcca acggagacac agcccgcgct accgttaact tcccgcgaag tcgcaactac  | 14160 |
| aatttcgcc tcgggggttg cggcaacaac aataatcttg cccgtgtgga cctgaggatc   | 14220 |
| gacggacgga ccgtcgggac cttttattac cagggcacat acccctggga ggccccaatt  | 14280 |
| gacaatgttt atgtcagtgc ggggagtcac acagtcgaaa tcaactgttac tgcggataac | 14340 |
| ggcacatggg acgtgtatgc cgactacctg gtgatacagt gacctaggtc cccgaatttc  | 14400 |
| cccgatcgtt caaacatttg gcaataaagt ttcttaagat tgaatcctgt tgcgggtctt  | 14460 |
| gogatgatta tcatataatt tctgttgaat tacgttaagc atgtaataat taacatgtaa  | 14520 |
| tgcacgacgt tatttatgag atgggttttt atgattagag tcccgcaatt atacatttaa  | 14580 |
| tacgcgatag aaaacaaaat atagcgcgca aactaggata aattatcgcg cgcggtgtca  | 14640 |
| tctatgttac tagatcggga attgg                                        | 14665 |

&lt;210&gt; 74

5 &lt;211&gt; 14683

<212> ADN  
<213> Secuencia Artificial

<220>  
<223> Construcción sintética, pAG2229

5

<400> 74

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| aattcatact aaagcttgca tgcctgcagg tcgactctag taacggccgc cagtgtgctg   | 60   |
| gaattaatto ggcttgctga ccacccaacc ccatatcgac agaggatgtg aagaacaggt   | 120  |
| aaatcacgca gaagaaccca tctctgatag cagctatcga ttagaacaac gaatccatat   | 180  |
| tgggtccgtg ggaaatactt actgcacagg aagggggcga tctgacgagg ccccgccacc   | 240  |
| ggcctcgacc cgaggccgag gccgacgaag cgccggcgag tacggcgccg cggcggcctc   | 300  |
| tgcccgctgc ctctgcgcgt gggagggaga ggccgcggtg gtggggggcg gcgcgcgcgc   | 360  |
| gcgcgcagct ggtgcggcgg cgcggggggtc agccgcccag ccggcggcga cggaggagca  | 420  |
| ggcgggcgctg gacgcgaact tccgatcggg tggtcagagt gcgcgagttg ggcttagcca  | 480  |
| attaggtoto aacaatctat tgggccgtaa aattcatggg ccttggtttg tctaggccca   | 540  |
| atatcccggt catttcagcc cacaaatatt tcccagagg attattaagg ccacacgcga    | 600  |
| gcttatagca gatcaagtac gatgtttcct gatcgttga tcggaaacgt acggtcttga    | 660  |
| tcaggcatgc cgacttcgtc aaagagaggc ggcgatgacct gacggggagt tggttccggg  | 720  |
| cacogtctgg atggtcgtac cgggaccgga cacgtgtcgc gctccaact acatggacac    | 780  |
| gtgtggtgct gccattgggc cgtacgcgtg gcggtgaccg cacoggatgc tgctcgcac    | 840  |
| cgccttgccc acgctttata tagagaggtt ttctctccat taatcgcata gcgagtcgaa   | 900  |
| tcgaccgaag gggaggggga gcgaagcttt gcgttctcta atcgccctgt caaggtaact   | 960  |
| aatcaatcac ctgcctctaa tctcgaatc tctcgtggtg cccgtctaat ctgcgcgattt   | 1020 |
| tgatgctcgt ggtggaaagc gtaggaggat cccgtgcgag ttagtctcaa tctctcaggg   | 1080 |
| tttctgtcga ttttaggggtg atccacctct taatcgagtt acggtttcgt gcgattttag  | 1140 |
| ggtaatccctc ttaatctctc attgatttag ggtttcgtga gaatcgaggt agggatctgt  | 1200 |
| gttattttata tcgatctaata agatggattg gttttgagat tgttctgtca gatggggatt | 1260 |
| gtttcgatat attaccctaa tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatat attaccctaa   | 1320 |
| tgatgtgtca gatggggatt gtttcgatat attaccctaa tgatggataa taagagtagt   | 1380 |
| tcacagttat gttttgatcc tgccacatag tttgagtttt gtgatcagat ttagttttac   | 1440 |
| ttatttgtgc ttagttcgga tgggattggt ctgatattgt tocaatagat gaatagctcg   | 1500 |
| ttaggttaaa atcttttaggt tgagttaggc gacacatagt ttatttcctc tggatttgga  | 1560 |

|            |             |            |             |            |            |      |
|------------|-------------|------------|-------------|------------|------------|------|
| ttggaattgt | gttcttagtt  | ttttccct   | ggatttggat  | tggaattgtg | tggagctggg | 1620 |
| ttagagaatt | acatctgtat  | cgtgtacacc | tacttgaact  | gtagagcttg | ggttctaagg | 1680 |
| tcaatttaat | ctgtattgta  | tctggctctt | tgcctagttg  | aactgtagtg | ctgatgttgt | 1740 |
| actgtgtttt | tttaccogtt  | ttatttgctt | tactcgtgca  | aatcaaatct | gtcagatgct | 1800 |
| agaactaggt | ggctttattc  | tgtgttctta | catagatctg  | ttgtcctgta | gttacttatg | 1860 |
| tcagttttgt | tattatctga  | agatattttt | ggttgttgct  | tgttgatgtg | gtgtgagctg | 1920 |
| tgagcagcgc | tcttatgatt  | aatgatgctg | tccaattgta  | gtgtagtatg | atgtgattga | 1980 |
| tatgttcac  | tattttgagc  | tgacagtacc | gatatactag  | gatctggtgc | caacttattc | 2040 |
| tccagctgct | tttttttacc  | tatgttaatt | ccaatccttt  | cttgctctct | ccagatccag | 2100 |
| ataatgcaga | aactcattaa  | ctcagtgcga | aactatgcct  | ggggcagcaa | aacggcgttg | 2160 |
| actgaacttt | atggtatgga  | aaatccgtcc | agccagccga  | tggccgagct | gtggatgggc | 2220 |
| gcacatccga | aaagcagttc  | acgagtgcag | aatgccgccg  | gagatatcgt | ttcactgcgt | 2280 |
| gatgtgattg | agagtgataa  | atcgactctg | ctcggagagg  | ccgttgccaa | acgctttggc | 2340 |
| gaactgcctt | tctgttcaa   | agtattatgc | gcagcacagc  | cactctccat | tcaggttcat | 2400 |
| ccaaacaaac | acaattctga  | aatcggtttt | gocaaagaaa  | atgccgcagg | tatcccgatg | 2460 |
| gatgccgccg | agcgttaacta | taaagatcct | aaccacaagc  | cggagctggt | ttttgcgctg | 2520 |
| acgcctttcc | ttgcgatgaa  | cgcgtttcgt | gaattttccg  | agattgtctc | cctactccag | 2580 |
| ccggtcgcag | gtgcacatcc  | ggcgattgct | cactttttac  | aacagcctga | tgccgaacgt | 2640 |
| ttaagcgaac | tgttcgccag  | cctgttgaat | atgcagggtg  | aagaaaaatc | ccgcgcgctg | 2700 |
| gcgattttaa | aatcggccct  | cgatagccag | caggggtgaac | cgtggcaaac | gattcgttta | 2760 |
| atttctgaat | tttaccogga  | agacagcggg | ctgttctccc  | cgtatttget | gaatgtggtg | 2820 |
| aaattgaacc | ctggcgaagc  | gatgttcctg | ttcgttgaaa  | caccgcacgc | ttacctgcaa | 2880 |
| ggcgtggcgc | tggaagtgat  | ggcaaactcc | gataacgtgc  | tgcgtgcggg | tctgacgcct | 2940 |
| aaatacattg | atattcogga  | actggttgcc | aatgtgaaat  | tcgaagccaa | accggctaac | 3000 |
| cagttgttga | cccagccggg  | gaaacaaggt | gcagaactgg  | acttcccgat | tccagtggat | 3060 |
| gattttgcct | tctcgtgca   | tgacctagtg | gataaagaaa  | ccaccattag | ccagcagagt | 3120 |
| gccgccattt | tgttctgcgt  | cgaaggcgat | gcaacgttgt  | ggaaaggttc | tcagcagtta | 3180 |
| cagcttaaac | cgggtgaatc  | agcgtttatt | gccgccaacg  | aatcacccgt | gactgtcaaa | 3240 |
| ggccacggcc | gtttagcgcg  | tgtttacaac | aagctgtaag  | agcttactga | aaaaattaac | 3300 |
| atctcttgct | aagctgggag  | ctctagatcc | ccgaatttcc  | ccgatcgttc | aaacatttgg | 3360 |
| caataaagtt | tcttaagatt  | gaatcctggt | gccggctctg  | cgatgattat | catataattt | 3420 |

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ctgttgaatt acgttaagca tgtaataatt aacatgtaat gcatgacgtt atttatgaga  | 3480 |
| tgggttttta tgattagagt cccgcaatta tacatttaac acgcgataga aaacaaaata  | 3540 |
| tagcgcgcaa actaggataa attatcgcg cgggtgtcat ctatgttact agatcgggaa   | 3600 |
| ttggcgagct cgaattaatt cagtacatta aaaacgtccg caatgtgtta ttaagttgtc  | 3660 |
| taagcgtcaa tttgtttaca ccacaatata tcctgccacc agccagccaa cagctccccg  | 3720 |
| accggcagct cggcacaaaa tcaccactcg atacaggcag cccatcagtc cgggacggcg  | 3780 |
| tcagcgggag agccgttgta aggcggcaga ctttgctcat gttaccgatg ctattcgga   | 3840 |
| gaacggcaac taagctgccg ggtttgaaac acggatgatc tcgaggagg tagcatgttg   | 3900 |
| attgtaacga tgacagagcg ttgctgctg tgatcaaata tcatctccct cgcagagatc   | 3960 |
| cgaattatca gccttcttat tcatttctcg cttaaccgtg acaggctgtc gatcttgaga  | 4020 |
| actatgccga cataatagga aatcgctgga taaagccgct gaggaagctg agtggcgcta  | 4080 |
| tttctttaga agtgaacgtt gacgatcgtc gaccgtaccc cgatgaatta attcggacgt  | 4140 |
| acgttctgaa cacagctgga tacttacttg ggcgattgtc atacatgaca tcaacaatgt  | 4200 |
| accggtttgt gtaaccgtct cttggagggt cgtatgacac tagtgggtcc cctcagcttg  | 4260 |
| cgactagatg ttgaggccta acattttatt agagagcagg ctagtgtgctt agatacatga | 4320 |
| tcttcaggcc gttatctgtc agggcaagcg aaaattggcc atttatgacg accaatgccc  | 4380 |
| cgcagaagct cccatctttg ccgccataga cgcgcgccc cccctttggg gtgtagaaca   | 4440 |
| tccttttgcc agatgtggaa aagaagttcg ttgtcccatt gttggcaatg acgtagtagc  | 4500 |
| cggcgaaagt gcgagacca tttgcgctat atataagcct acgatttccg ttgcgactat   | 4560 |
| tgctcgtaatt ggatgaacta ttatcgtagt tgctctcaga gttgtcgtaa tttgatggac | 4620 |
| tattgtcgta attgcttatg gagttgtcgt agttgcttg agaaatgtcg tagttggatg   | 4680 |
| gggagtagtc ataggaaga cgagcttcat ccactaaaac aattggcagg tcagcaagtg   | 4740 |
| cctgccccga tgccatcgca agtacgagc ttagaaccac cttcaacaga tcgcgcatag   | 4800 |
| tcttccccag ctctctaacg cttgagttaa gccgcgcgc gaagcggcgt cggcttgaac   | 4860 |
| gaattgttag acattatttg ccgactacct tggatgctc gcctttcacg tagtgaacaa   | 4920 |
| attcttccaa ctgatctcg cgcgaggcca agcgatcttc ttgtccaaga taagcctgcc   | 4980 |
| tagcttcaag tatgacgggc tgatactggg ccggcaggcg ctccattgcc cagtggcag   | 5040 |
| cgacatcctt cggcgcgatt ttgccggtta ctgcgctgta ccaaatgcgg gacaacgtaa  | 5100 |
| gcactacatt tcgctcatcg ccagcccagt cgggaggcga gttccatagc gtttaaggttt | 5160 |
| catttagcgc ctcaaataga tcctgttcag gaaccggatc aaagagttcc tcgcgcgctg  | 5220 |
| gacctaccaa ggcaacgcta tgttctcttg cttttgtcag caagatagcc agatcaatgt  | 5280 |
| cgatcgtggc tggctcgaag atacctgcaa gaatgtcatt gcgctgccat tctccaaatt  | 5340 |

gcagttcgcg cttagctgga taacgccacg gaatgatgtc gtcgtgcaca acaatggtga 5400  
 cttctacagc gcggaagaac tcgctctctc cagggaagc cgaagtttcc aaaaggctgt 5460  
 tgatcaaagc tcgcccgtt gtttcatcaa gccttacggt caccgtaacc agcaaataca 5520  
 tatcactgtg tggcttcagg ccgccatcca ctgcggagcc gtacaaatgt acggccagca 5580  
 acgtcggttc gagatggcgc tcgatgacgc caactacctc tgatagttga gtcgatactt 5640  
 cggcgatcac cgcttccctc atgatgttta actcctgaat taagccgcgc cgcgaaggcg 5700  
 tgtcggcttg aatgaattgt taggcgtcat cctgtgctcc cgagaaccag taccagtaca 5760  
 tcgctgtttc gttcgagact tgaggtctag ttttatacgt gaacaggtea atgccgccga 5820  
 gagtaaagcc acattttgcg tacaaattgc aggcaggtaac attgttcgtt tgtgtctcta 5880  
 atcgtatgcc aaggagctgt ctgcttagtg ccactttttt cgcaaattcg atgagactgt 5940  
 gcgcgactcc tttgcctcgg tgcgtgtgog acacaacaat gtgttcgata gaggctagat 6000  
 cgttccatgt tgagttgagt tcaatcttcc cgacaagctc ttggtcgatg aatgcgccat 6060  
 agcaagcaga gtcttcatca gagtcacat ccgagatgta atccttccgg taggggctca 6120  
 cacttctggt agatagttca aagccttggt cggatagggt cacatcgaac acttcacgaa 6180  
 caatgaaatg gttctcagca tccaatgttt ccgccacctg ctcagggatc accgaaatct 6240  
 tcatatgacg cctaacgcct ggcacagcgg atcgcaaac tggcgcggtt tttggcaaaa 6300  
 aaggcgtgac aggtttgcga atccgttgct gccacttggt aacccttttg ccagatttgg 6360  
 taactataat ttatgttaga ggcgaagtct tgggtaaaaa ctggcctaaa attgctgggg 6420  
 atttcaggaa agtaaacatc accttcgggc tcgatgtcta ttgtagatat atgtagtgta 6480  
 tctacttgat cgggggatct gctgcctcgc gcgtttcggg gatgacggtg aaaacctctg 6540  
 acacatgcag ctcccgga ga cgtcacagc ttgtctgtaa gcggatgccg ggagcagaca 6600  
 agcccgctcag ggcgcgtcag cgggtgttgg cgggtgtcgg ggcgcagcca tgaccagtc 6660  
 acgtagcgat agcggagtgt atactggctt aactatgcgg catcagagca gattgtactg 6720  
 agagtgcacc atatgcggtg tgaaataacc cacagatgcg taaggagaaa ataccgcac 6780  
 aggcgtctct ccgcttctc gctcactgac tcgctgcgct cggctgctcg gctgcggcga 6840  
 gcggtatcag ctcaactcaa ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca 6900  
 ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg 6960  
 ctggcggttt tccataggct ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgtcaagt 7020  
 cagaggtggc gaaacccgac aggaactata agataccagg cgtttcccc tggaagctcc 7080  
 ctgctgcgct ctctgttcc gacctgcgc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct 7140  
 tcgggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc 7200

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa cccccggtc agcccgaccg ctgcgcctta   | 7260 |
| tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca | 7320 |
| gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggag gtgctacaga gttcttgaag  | 7380 |
| tggtggccta actacggcta cactagaagg acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag  | 7440 |
| ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac caccgctggg  | 7500 |
| agcgggtggt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaagg atctcaagaa   | 7560 |
| gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtggg acgaaaactc acgttaaggg  | 7620 |
| attttggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tctttttaa ttaaaaatga   | 7680 |
| agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggg ctgacagtta ccaatgctta  | 7740 |
| atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcggt catccatagt tgcctgactc  | 7800 |
| cccgctgtgt agataactac gatacgggag ggcttaccat ctggccccag tgcctgcaatg | 7860 |
| ataccgcgag acccacgctc accggctcca gatttatcag caataaacca gccagccgga  | 7920 |
| agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact ttatccgctt ccatccagtc tattaattgt  | 7980 |
| tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt  | 8040 |
| gctgcagggg gggggggggg ggggttccat tgttcattcc acggacaaaa acagagaaag  | 8100 |
| gaaacgacag aggccaaaaa gctcgcttcc agcacctgtc gtttccttcc ttttcagagg  | 8160 |
| gtattttaaa taaaaacatt aagttatgac gaagaagaac ggaaacgcct taaaccggaa  | 8220 |
| aattttcata aatagcgaaa acccgcgagg tcgccgcccc gtaacctgtc ggatcaccgg  | 8280 |
| aaaggacccg taaagtgata atgattatca tctacatata acaacgtgcg tggaggccat  | 8340 |
| caaaccacgt caaataatca attatgacgc aggtatcgta ttaattgatc tgcacaaact  | 8400 |
| taacgtaaaa acaacttcag acaatacaaa tcagcgacac tgaatacggg gcaacctcat  | 8460 |
| gtcccccccc cccccccctc gcaggcatcg tgggtgtcacg ctcgctggtt ggtatggctt | 8520 |
| cattcagctc cggttcccaa cgatcaaggc gagttacatg atcccccatg ttgtgcaaaa  | 8580 |
| aagcggttag ctcttcgggt cctccgatcg ttgtcagaag taagttggcc gcagtgttat  | 8640 |
| cactcatggg tatggcagca ctgcataatt ctcttactgt catgccatcc gtaagatgct  | 8700 |
| tttctgtgac tgggtgagta tcaaccaagt cattctgaga atagtgtatg cggcgaccga  | 8760 |
| gttgctcttg cccggcgctc acacgggata ataccgcgcc acatagcaga actttaaaag  | 8820 |
| tgctcatcat tggaaaacgt tcttcggggc gaaaactctc aaggatctta ccgctgttga  | 8880 |
| gatccagttc gatgtaaccc actcgtgcac ccaactgatc ttcagcatct tttactttca  | 8940 |
| ccagcgtttc tgggtgagca aaaacaggaa ggcaaaatgc cgcaaaaaag ggaataaggg  | 9000 |
| cgacacggaa atgttgaata ctcatactct tcttttttca atattattga agcattttatc | 9060 |
| agggttattg tctcatgagc ggatacatat ttgaatgtat ttagaaaaat aaacaaatag  | 9120 |

|                                                                    |       |
|--------------------------------------------------------------------|-------|
| gggttcgcgcg cacatttccc cgaaaagtgc cacctgacgt ctaagaaacc attattatca | 9180  |
| tgacattaac ctataaaaat aggcgtatca cgaggccctt tcgtcttcaa gaattggtcg  | 9240  |
| acgatcttgc tgcgttcgga tattttcgtg gagttccgcg cacagaccgc gattgaaggc  | 9300  |
| gagatccagc aactcgcgcc agatcactct gtgacggaac tttggcgcggt gatgactggc | 9360  |
| caggacgtcg gcgaaagag cgacaagcag atcacgcttt tcgacagcgt cggatttgcg   | 9420  |
| atcgaggatt tttcggcgct gcgctacgtc cgcgaccgcg ttgagggatc aagccacagc  | 9480  |
| agcccactcg accttctagc cgaccocagc gagccaaggg atcttttttg aatgctgctc  | 9540  |
| cgctcgtcagg ctttccgacg tttgggtggt tgaacagaag tcattatcgc acggaatgcc | 9600  |
| aagcactccc gaggggaacc ctgtggttgg catgcacata caaatggacg aacggataaa  | 9660  |
| ccttttccag cccttttaaa tatccgatta ttctaataaa cgctcttttc tcttaggttt  | 9720  |
| accgcaccaat atatcctgtc aaacactgat agtttaaaact gaaggcgga aacgacaacc | 9780  |
| tgatcatgag cggagaatta agggagtcac gttatgacct ccgccgatga cgcgggacaa  | 9840  |
| gccgttttac gtttggaact gacagaaccg caacgttgaa ggagccactc agcttaatta  | 9900  |
| agtctaactc gagttactgg tacgtaccaa atccatggaa tcaaggtacc gtcgactcta  | 9960  |
| gtaacggcgc ccagtgtgct ggaattaatt cggcttgcgc accacccaac cccatatacg  | 10020 |
| cagaggatgt gaagaacagg taaatcacgc agaagaacct atctctgata gcagctatcg  | 10080 |
| attagaacaa cgaatccata ttgggtccgt gggaaatact tactgcacag gaagggggcg  | 10140 |
| atctgacgag gcccccgcac cggcctcgac ccgagccga ggccgacgaa gcgcggcgga   | 10200 |
| gtacggcgcc gcggcgccct ctgcccgtgc cctctgcgcg tgggagggag aggcgcgggt  | 10260 |
| ggtgggggcg cgcgcgcgcg cgcgcgcagc tgggtgcgcg gcgcgggggt cagccgccga  | 10320 |
| gccggcggcg acggaggagc agggcgcggt ggacgcgaac ttccgatcgg ttggtcagag  | 10380 |
| tgcgcgagtt gggcttagcc aattaggtct caacaatcta ttgggccgta aaattcatgg  | 10440 |
| gccctggttt gtctaggccc aatatccgt tcatttcagc ccacaaatat tccccagag    | 10500 |
| gattattaag gcccacacgc agcttatagc agatcaagta cgatgtttcc tgatcgttgg  | 10560 |
| atcggaacgc tacggtcttg atcaggcatg ccgacttcgt caaagagagg cggcatgacc  | 10620 |
| tgacgcggag ttggttcgga gcacogtctg gatggtcgta ccgggaccgg acacgtgtcg  | 10680 |
| cgcctccaac tacatggaca cgtgtggtgc tgccattggg ccgtacgcgt ggcggtgacc  | 10740 |
| gcaccgatg ctgcctcgca ccgccttgcc cacgctttat atagagaggt tttctctcca   | 10800 |
| ttaatcgcat agcgagtcga atcgaccgaa ggggaggggg agcgaagctt tgcgttctct  | 10860 |
| aatgcctcg tcaaggtaac taatcaatca cctcgtccta atcctcgaat ctctcgtggt   | 10920 |
| gcccgctcaa tctcgcgatt ttgatgctcg tggtggaag cgtaggagga tcccgtgcga   | 10980 |

|                                                                     |       |
|---------------------------------------------------------------------|-------|
| gtagtctca atctctcagg gtttcgtgcg atttttagggg gatccacctc ttaatcgagt   | 11040 |
| tacggtttcg tgcgatttta gggtaatcct cttaatctct cattgattta gggtttcgtg   | 11100 |
| agaatcgagg tagggatctg tgttatttat atcgatctaa tagatggatt ggttttgaga   | 11160 |
| ttgttctgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat   | 11220 |
| tgtttcgata tattacccta atgatgtgtc agatggggat tgtttcgata tattacccta   | 11280 |
| atgatggata ataagagtag ttcacagtta tgttttgatc ctgccacata gtttgagttt   | 11340 |
| tgtgatcaga tttagtttta ctattttgtg cttagttcgg atgggattgt tctgatattg   | 11400 |
| ttccaataga tgaatagctc gtttaggttaa aatcttttagg ttgagttagg cgacacatag | 11460 |
| tttatttcct ctggatttggt attggaattg tgttcttagt ttttttcccc tggatttgga  | 11520 |
| ttggaattgt gtggagctgg gttagagaat tacatctgta tctgtacac ctacttgaac    | 11580 |
| tgtagagctt gggtttctaag gtcaatttaa tctgtattgt atctggctct ttgcctagtt  | 11640 |
| gaactgtagt gctgatgttg tactgtgttt ttttaccctg tttatttgct ttactcgtgc   | 11700 |
| aaatcaaato tgtcagatgc tagaactagg tggctttatt ctgtgttctt acatagatct   | 11760 |
| gttgctcgtg agttacttat gtcagttttg ttattatctg aagatatttt tggttggtgc   | 11820 |
| ttgttgatgt ggtgtgagct gtgagcagcg ctcttatgat taatgatgct gtccaattgt   | 11880 |
| agtgtagtat gatgtgattg atatgttcat ctattttgag ctgacagtac cgatatcgta   | 11940 |
| ggatctggtg ccaacttatt ctccagctgc ttttttttac ctatgttaat tccaatcctt   | 12000 |
| tcttgccctct tccagatcca gataatggcg aacaaacatt tgtccctctc cctcttctc   | 12060 |
| gtcctccttg gctgtcggc cagcttggcc tccgggcaac aaacaagcat tactctgaca    | 12120 |
| tccaacgcat ccggtacgtt tgacggttac tattacgaac tctggaagga tactggcaat   | 12180 |
| acaacaatga cggctctacac tcaaggctgc ttttcctgcc agtggtcgaa catcaataac  | 12240 |
| gcgttggtta ggaccgggaa gaaatacaac cagaattggc agtctcttgg cacaatccgg   | 12300 |
| atcacgtact ctgcgactta caacccaaac gggaaactcct acttgtgtat ctatggctgg  | 12360 |
| tctaccaacc catttggtga gttctacatc gttgagtcct gggggaactg gagaccgct    | 12420 |
| ggtgcctgcc tggccgaggg ctgcctcgtc ttggacgcgg ctaccgggca gaggtccct    | 12480 |
| atcgaaaagg tgcgtccggg gatggaagtt ttctccttgg gacctgatta cagactgtat   | 12540 |
| cgggtgcccg ttttgagagt ccttgagagc ggggttaggg aagttgtgcg cctcagaact   | 12600 |
| cggtcagggg gaacgctggt gttgacacca gatcaccgc ttttgacccc cgaaggttg     | 12660 |
| aaacctcttt gtgacctccc gcttggaact ccaattgcag tccccgcaga actgcctgtg   | 12720 |
| gccccccact tggccccacc tgaagaacgt gttacgtcc tggctcttct gttgggggat    | 12780 |
| gggaacacaa agctgtcggg tcggagaggt acacgtccta atgccttctt ctacagcaaa   | 12840 |
| aaccccgaaat tgctcgcggc ttatcgccgg tgtgcagaag ccttgggtgc aaaggtgaaa  | 12900 |

|             |             |            |            |            |            |       |
|-------------|-------------|------------|------------|------------|------------|-------|
| gcatacgtcc  | acccgactac  | gggggtggtt | acactcgcaa | ccctcgctcc | acgtcctgga | 12960 |
| gctcaagatc  | ctgtcaaacg  | cctcgttgtc | gaggcgggaa | tggttgctaa | agccgaagag | 13020 |
| aagaggggtcc | cggaggaggt  | gtttcgttac | cggcgtgagg | cgttgccctt | tttcttgggc | 13080 |
| cgtttgttct  | cgacagacgg  | ctctgttgaa | aagaagagga | tctcttattc | aagtgccagt | 13140 |
| ttgggactgg  | cccaggatgt  | cgcacatctc | ttgctgcgcc | ttggaattac | atctcaactc | 13200 |
| cgttcgagag  | ggccacgggc  | tcacgaggtt | cttatatcgg | gccgcgagga | tattttgcgg | 13260 |
| tttgctgaac  | ttatcggacc  | ctacctcttg | ggggccaaga | gggagagact | tgacgcgtg  | 13320 |
| gaagctgagg  | cccgcaggcg  | tttgcttga  | cagggatggc | acttgccgct | tgttcttcct | 13380 |
| gccgtggcgt  | acagagtggg  | cgaggcggaa | aggcgcctcg | gattttcgtg | gagtgaagcc | 13440 |
| ggtcggcgcg  | tgcagttgc   | gggatcgtgt | ttgtcatctg | gactcaacct | caaattgccc | 13500 |
| agacgctacc  | tttctcggca  | ccggttgctg | ctgctcgggt | aggcttttgc | cgaccctggg | 13560 |
| ctggaagcgc  | tgcgggaagg  | ccaagtgtct | tgggacccta | ttgttgctgt | cgaaccggcc | 13620 |
| ggtaaggcga  | gaacattcga  | cttgccgctt | ccaccctttg | caaacttcgt | gagcgaggac | 13680 |
| ctggtggtgc  | ataacaccgt  | ccccctgggc | caagtgacaa | tcgatggcgg | gacctacgac | 13740 |
| atctatagga  | cgacacgcgt  | caaccagcct | tccattgtgg | ggacagccac | gttcgatcag | 13800 |
| tactggagcg  | tgcgcacctc  | taagcggact | tcaggaacag | tgaccgtgac | cgatcacttc | 13860 |
| cgcgcctggg  | cgaaccgggg  | cctgaacctc | ggcacaatag | accaaattac | attgtgcgtg | 13920 |
| gagggttacc  | aaagctctgg  | atcagccaac | atcaccacga | acaccttctc | tcagggctct | 13980 |
| tcttcgggca  | gttcgggttg  | ctcatccggc | tcacaaacga | ctactcgcat | cgagtgtgag | 14040 |
| aacatgtcct  | tgtccggacc  | ctacgttagc | aggatcacca | atccctttaa | tggtattgcg | 14100 |
| ctgtacgcca  | acggagacac  | agcccgcgct | accgttaact | tccccgcaag | tcgcaactac | 14160 |
| aatttcggcc  | tgcgggggtt  | cggcaacaac | aataatcttg | cccgtgtgga | cctgaggatc | 14220 |
| gacggacgga  | cgtcggggac  | cttttattac | cagggcacat | acccctggga | ggccccaatt | 14280 |
| gacaatgttt  | atgtcagtgc  | ggggagtcac | acagtcgaaa | tcactgttac | tgccgataac | 14340 |
| ggcacatggg  | acgtgtatgc  | cgactacctg | gtgatacaga | gcgagaagga | cgagctgtga | 14400 |
| cctaggtccc  | cgaatttccc  | cgatcgttca | aacatttggc | aataaagttt | cttaagattg | 14460 |
| aatcctgttg  | ccggtcttgc  | gatgattatc | atataatttc | tgttgaatta | cgttaagcat | 14520 |
| gtaataatta  | acatgtaatg  | catgacgtta | tttatgagat | gggtttttat | gattagagtc | 14580 |
| ccgcaattat  | acatttaata  | cgcgatagaa | aacaaaatat | agcgcgcaaa | ctaggataaa | 14640 |
| ttatcgcgcg  | cgggtgtcatc | tatgttacta | gatcgggaat | tgg        |            | 14683 |

## REIVINDICACIONES

1. Una planta transgénica que tiene una característica hidrolítica, comprendiendo la planta transgénica un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa, en la que la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa en la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y
  - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre las SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14, o 21; o
  - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14, o 21.
2. Una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica, comprendiendo la planta transgénica un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa, en la que la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa en la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y
  - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 2, 4, 16, o 17; o
  - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 2, 4, 16, o 17.
3. Una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica, comprendiendo la planta transgénica un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa, en la que la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa en la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y
  - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 60, 62, 64; o
  - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 60, 62, o 64.
4. Un procedimiento de obtención de un azúcar que comprende proporcionar una planta transgénica o parte de la misma que incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína, la inteína fusionada internamente en la xilanasa y la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa en la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y
  - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14, o 21; o
  - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14, o 21.
5. Un procedimiento de obtención de un azúcar que comprende proporcionar una planta transgénica o parte de la misma que incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína, la inteína fusionada internamente en la xilanasa y la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa en la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y
  - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 2, 4, 16, o 17; o
  - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 2, 4, 16 o 17.
6. Un procedimiento de obtención de un azúcar que comprende proporcionar una planta transgénica o parte de la misma que incluye un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína, la inteína fusionada internamente en la xilanasa y la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa en la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y
  - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 60, 62, 64; o
  - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que

codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en la secuencia de una de SEQ ID NO: 60, 62, 64.

7. El procedimiento de las reivindicaciones 5 o 6, en el que la inteína se corta y empalma a temperaturas superiores a las temperaturas de cultivo de la planta transgénica, comprendiendo el procedimiento además aumentar la temperatura de la planta transgénica a una temperatura superior a la temperatura de cultivo de la planta;

- 5       - en el que la temperatura superior a la temperatura de cultivo de la planta es preferentemente de 50 °C a 70 °C, o  
       - en el que la temperatura superior a la temperatura de cultivo de la planta es preferentemente de 50 °C o 70 °C.

8. Un procedimiento de producción de una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica que comprende: proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa y transformar una planta o parte de la misma con la construcción de expresión, en la que la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y

- 10       - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14, o 21; o  
       - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en una de SEQ ID NO: 6, 8, 10, 12, 14, o 21.

9. Un procedimiento de producción de una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica que comprende: proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa y transformar una planta o parte de la misma con la construcción de expresión, en la que la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y

- 20       - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 2, 4, 16, o 17; o  
       - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en una de SEQ ID NO: 2, 4, 16, o 17.

10. Un procedimiento de producción de una planta transgénica que tiene una característica autohidrolítica que comprende: proporcionar un vector de expresión que tiene una secuencia que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene la inteína fusionada internamente en la xilanasa y transformar una planta o parte de la misma con la construcción de expresión, en la que la xilanasa modificada por una inteína está termorregulada teniendo un aumento de la actividad xilanasa tras un tratamiento con calor, en la que la xilanasa de la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de xilanasa, la inteína tiene una secuencia de inteína; y

- 30       - en la que la xilanasa modificada por una inteína tiene una secuencia de aminoácidos de una que se selecciona de entre SEQ ID NO: 60, 62, 64; o  
       - en la que la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína es un ácido nucleico aislado que codifica una secuencia de aminoácidos que consiste en una de SEQ ID NO: 60, 62, 64.

11. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 4 a 10, en el que la planta o parte de la misma es una planta de maíz o parte de la misma, una planta de pasto varilla o parte de la misma, o una planta de sorgo o parte de la misma.

12. La planta transgénica de las reivindicaciones 1, 2 o 3, en la que la planta transgénica o parte de la misma es una planta transgénica de maíz o parte de la misma, una planta transgénica de pasto varilla o parte de la misma, o una planta transgénica de sorgo o parte de la misma.

13. Una xilanasa modificada por una inteína que tiene una secuencia de inteína y una secuencia de xilanasa, comprendiendo la xilanasa modificada por una inteína una secuencia de una de SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, o 21.

14. Una xilanasa modificada por una inteína que tiene una secuencia de inteína y una secuencia de xilanasa, comprendiendo la xilanasa modificada por una inteína una secuencia de una de SEQ ID NO: 60, 62, 64.

15. Un ácido nucleico aislado que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene una secuencia de xilanasa y una secuencia de inteína, codificando el ácido nucleico aislado una secuencia de aminoácidos que comprende una secuencia de una de SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, o 21.

16. Un ácido nucleico aislado que codifica una xilanasa modificada por una inteína que tiene una secuencia de xilanasa y una secuencia de inteína, codificando el ácido nucleico aislado una secuencia de aminoácidos que comprende una secuencia de una de SEQ ID NO: 60, 62, 64.

17. Una semilla de una planta transgénica de una de las reivindicaciones 1, 2, 3 o 12, en la que la semilla incluye la secuencia que codifica la xilanasa modificada por una inteína.
18. La planta transgénica de la reivindicación 1, 2, 3 o 12, en la que la planta transgénica se selecciona de entre maíz, sorgo, y pasto varilla.
- 5 19. El procedimiento de las reivindicaciones 4 - 11, en el que la planta transgénica se selecciona de entre maíz, sorgo, y pasto varilla.

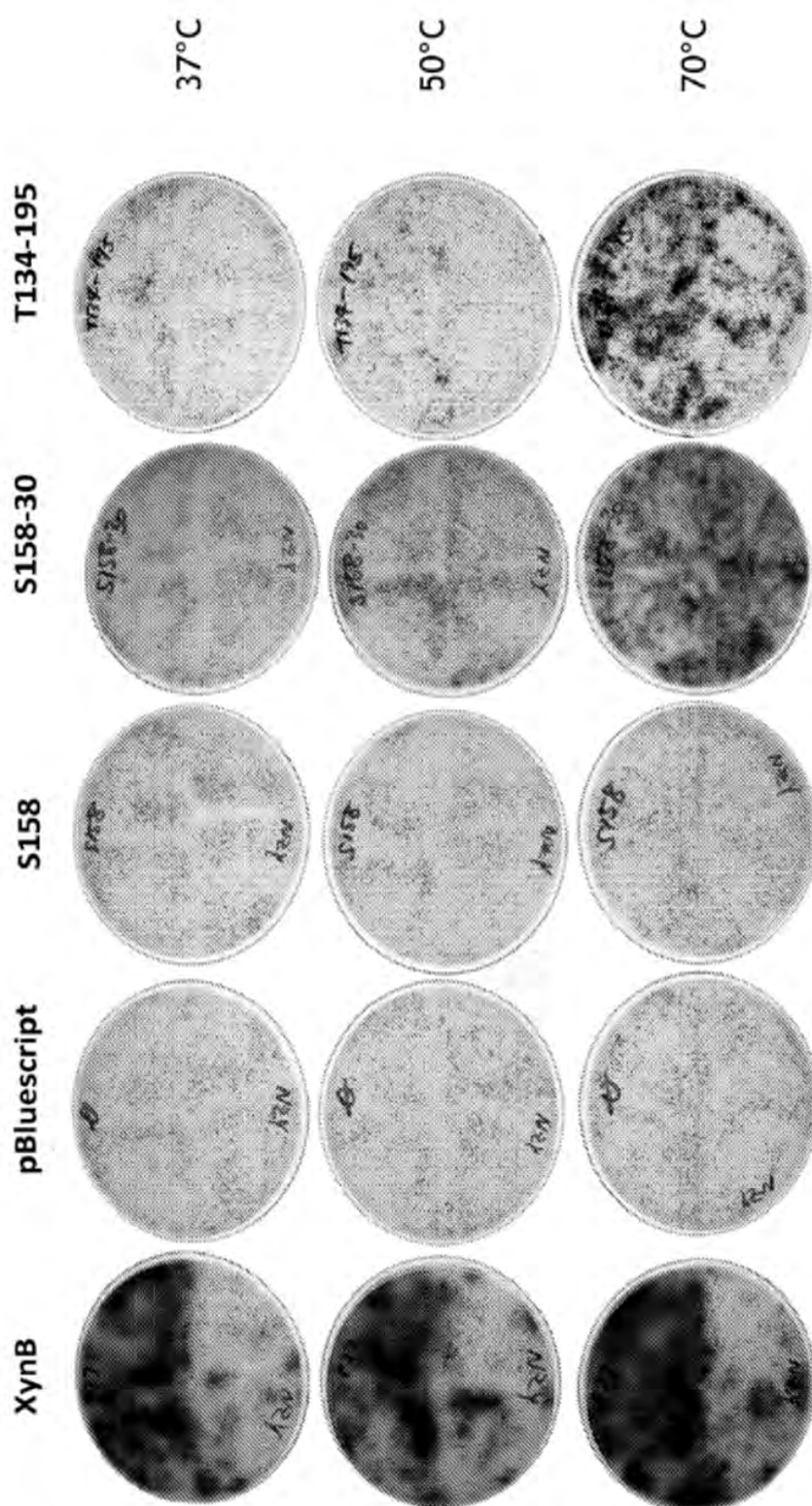


FIG. 1A

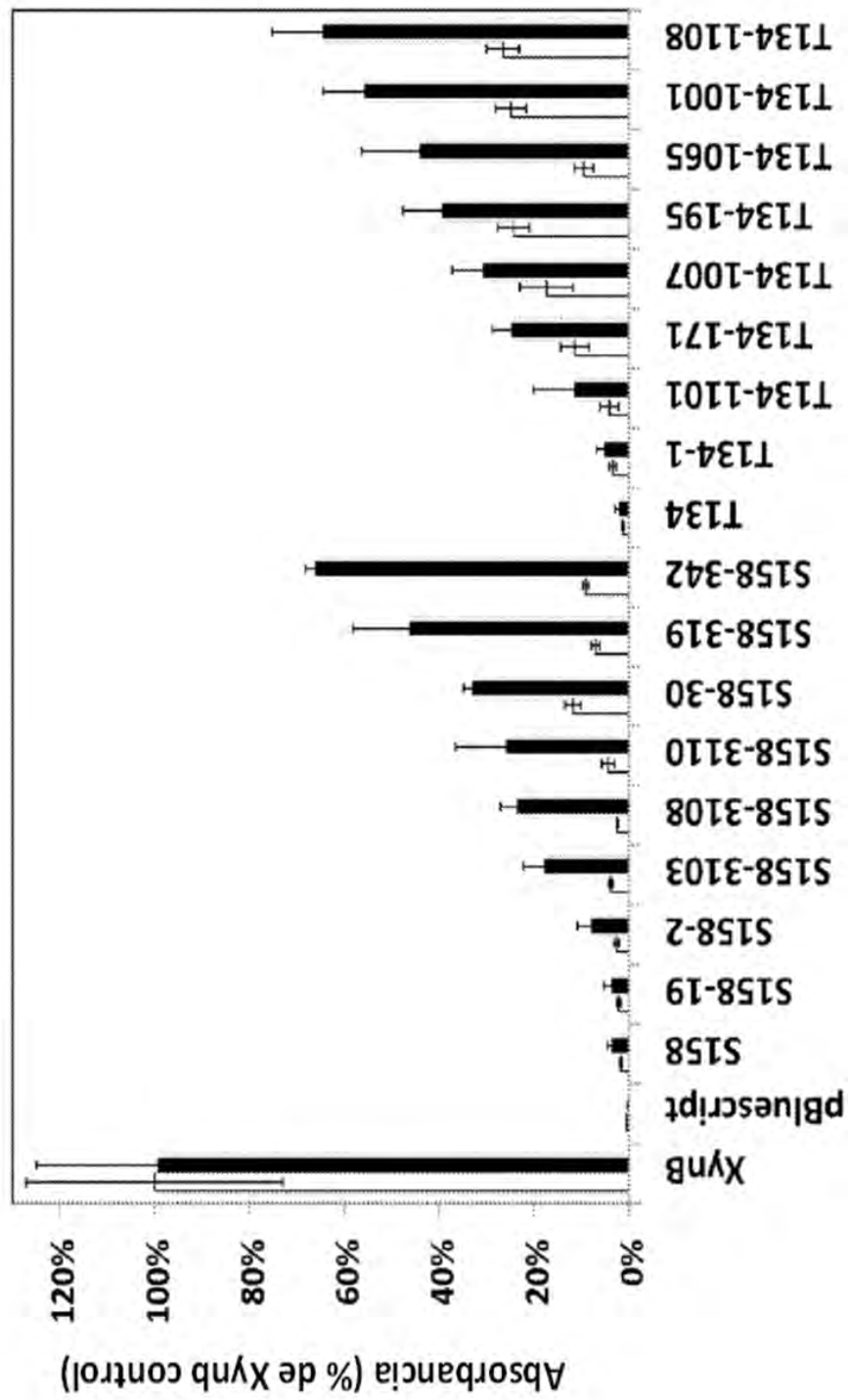


FIG. 1B

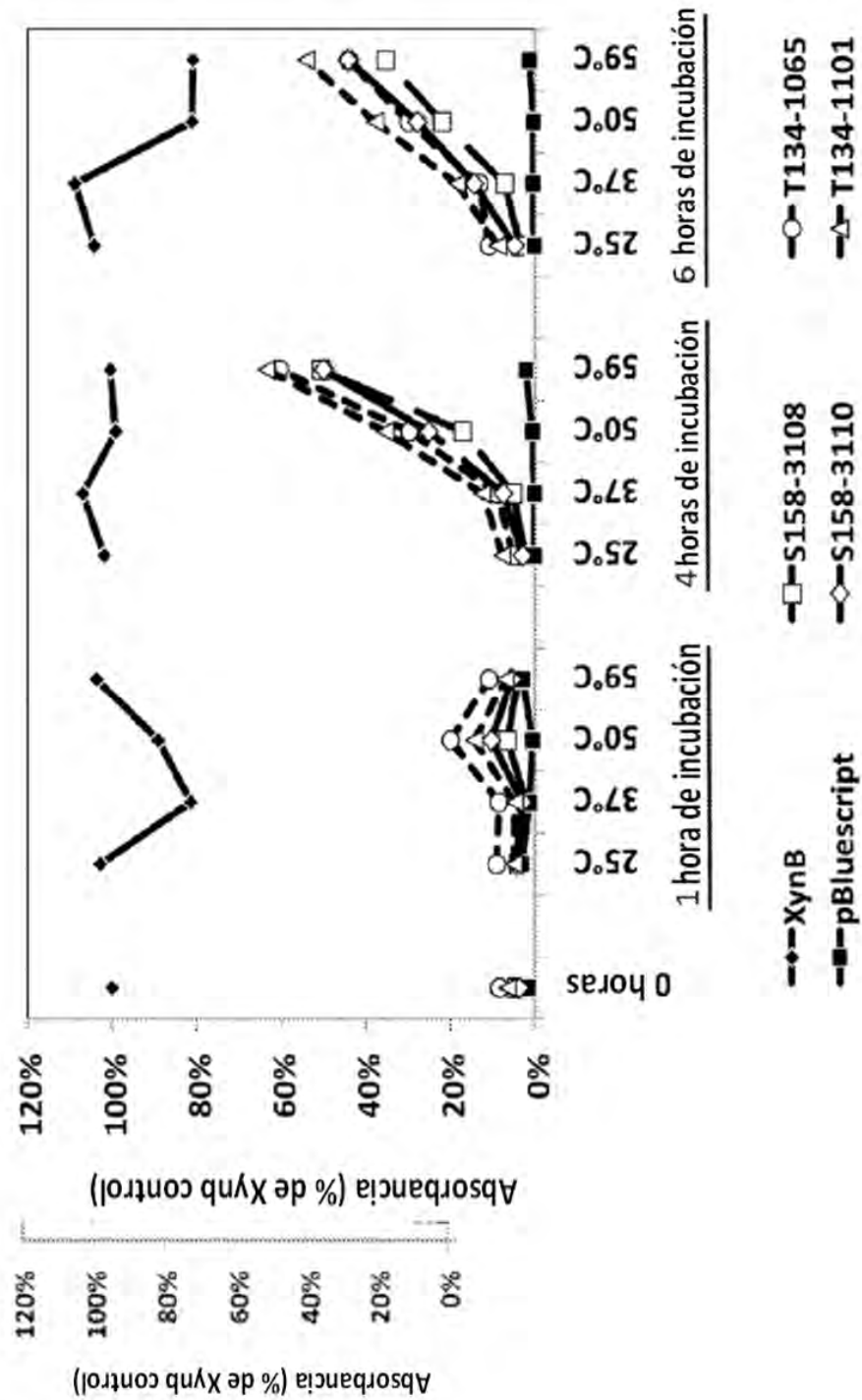
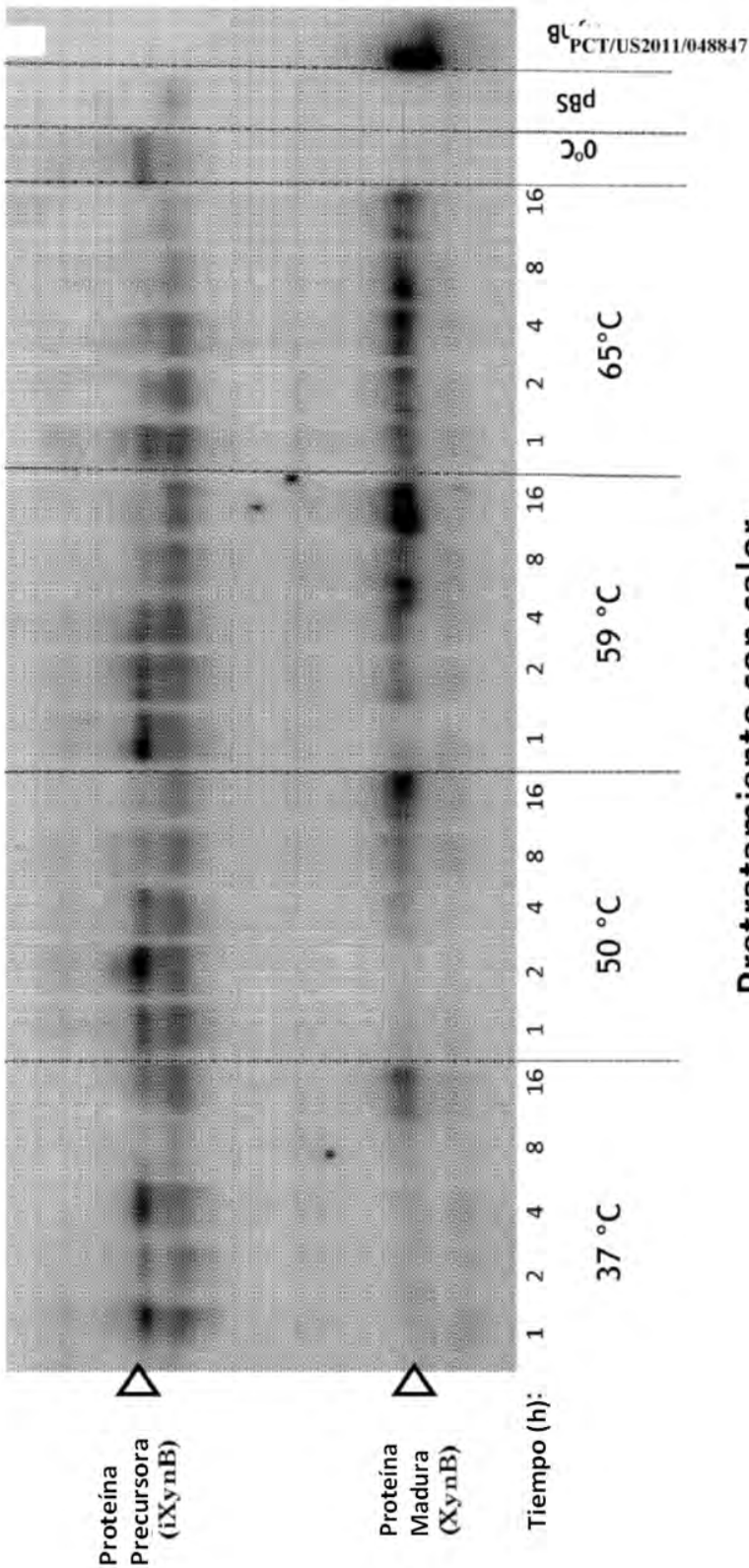


FIG. 1C



Pretratamiento con calor

FIG. 1D

```

...RPPGA CLAEGLSV LDAATGQR VPIEKVRP GMEVFSLG PDYRLYRV
...RVNQF
51 71 88
PVLEVLES GVREVVRL RTRSGRTL VLTPDHPL LTPEGWKP LCDLPLGT
136
PIAVPAEL PVAGHLAP PEERVTL ALLLGDN TKLSGRRG TRPNAFFY
184
SKDPELLA AYRRCAEA LGAKVKAY VHPTTGUV TLATLAPR PGAQDPVK
232
RLVVEAGM VAKABEKR VPEEVFRY RREALALF LGRLFSTD GSVEKKRI
280
SYSSASLG LAQDVAHL LLRLGITS QLSRSGPR AHEVLISG REDILRFA
328
ELIGPYLL GAKRERLA ALEAEARR RLPQGQWH LRLVLPV AYRVSEAK
376
RRSGPSWS EAGRRVAV AGSCLSSG LNLKLPRR YLSRHRLS LLGEAPAD
423
PGLEALAE GQVLWDPI VAVEPAGK ARTFDLRV PPFANFVS EDLVVHNT134
S135
SLGO...
IVGT...

```

FIG. 2A

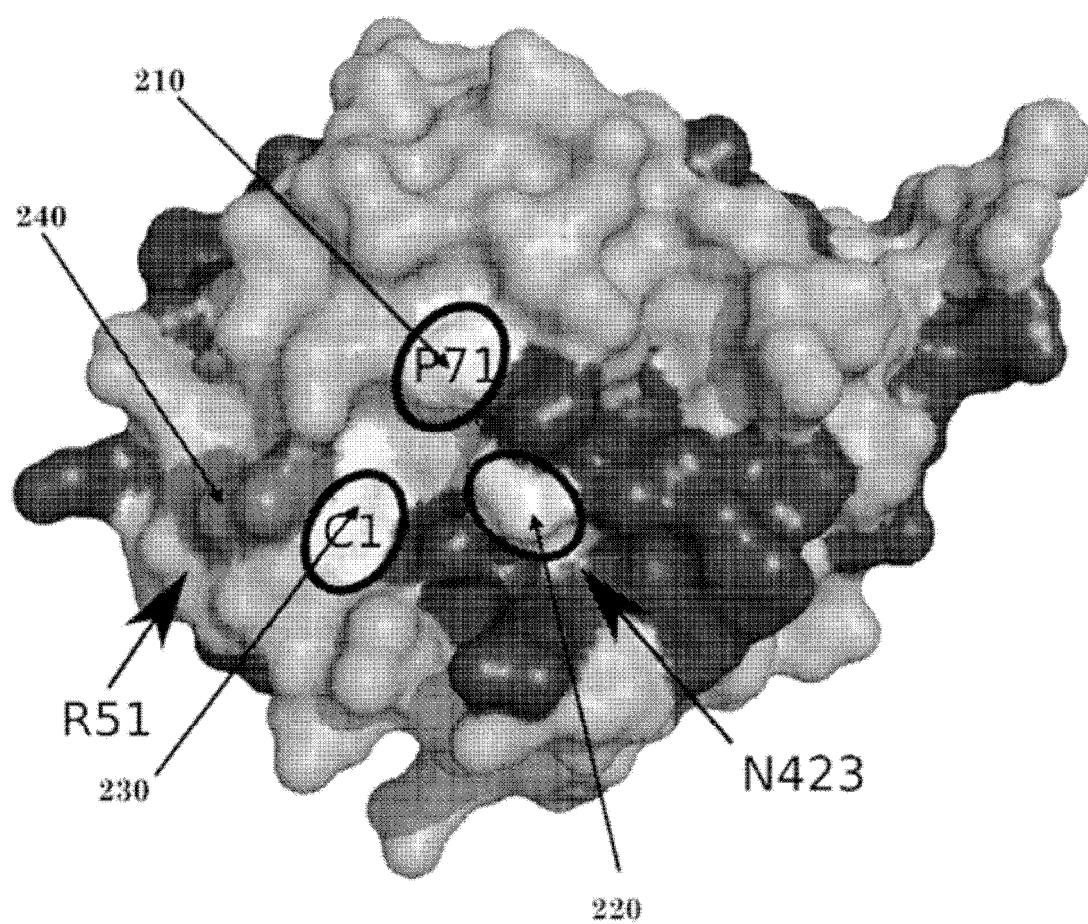


FIG. 2B

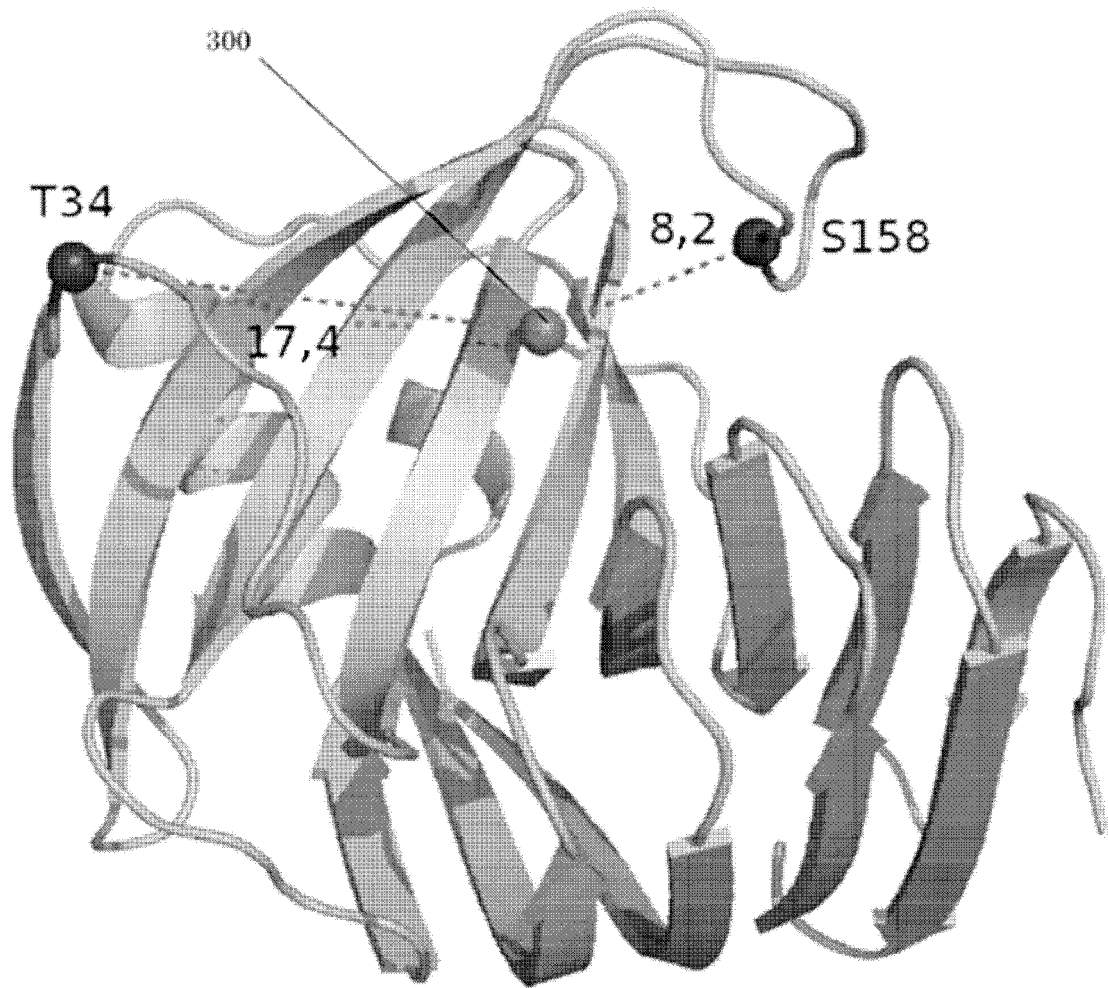


FIG. 3

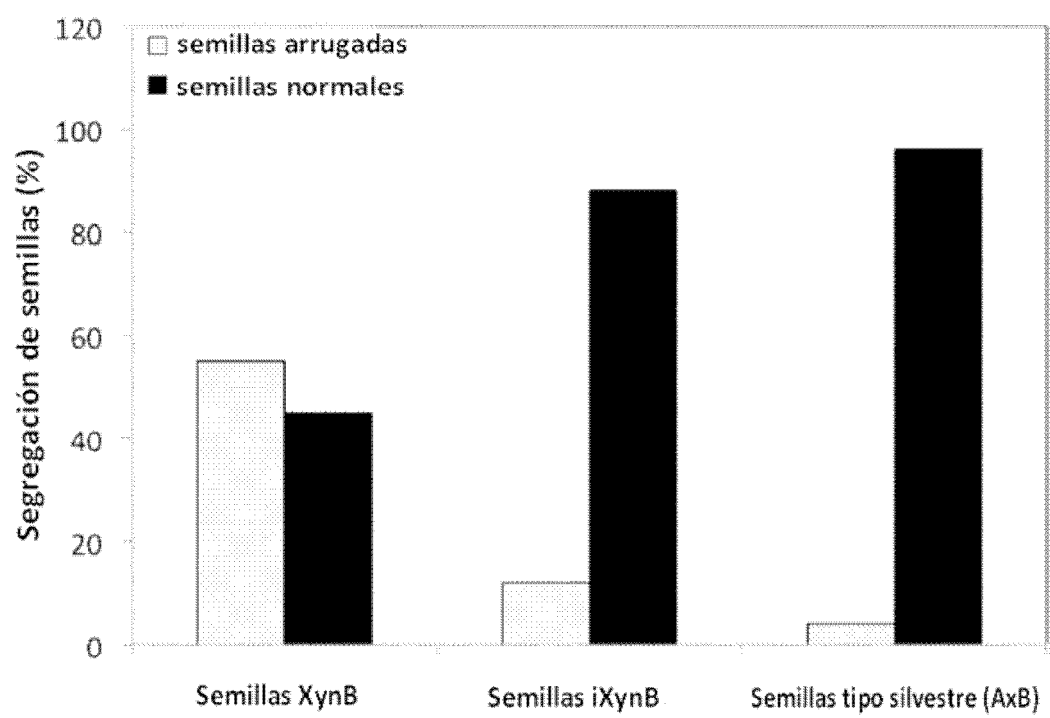


FIG. 4A

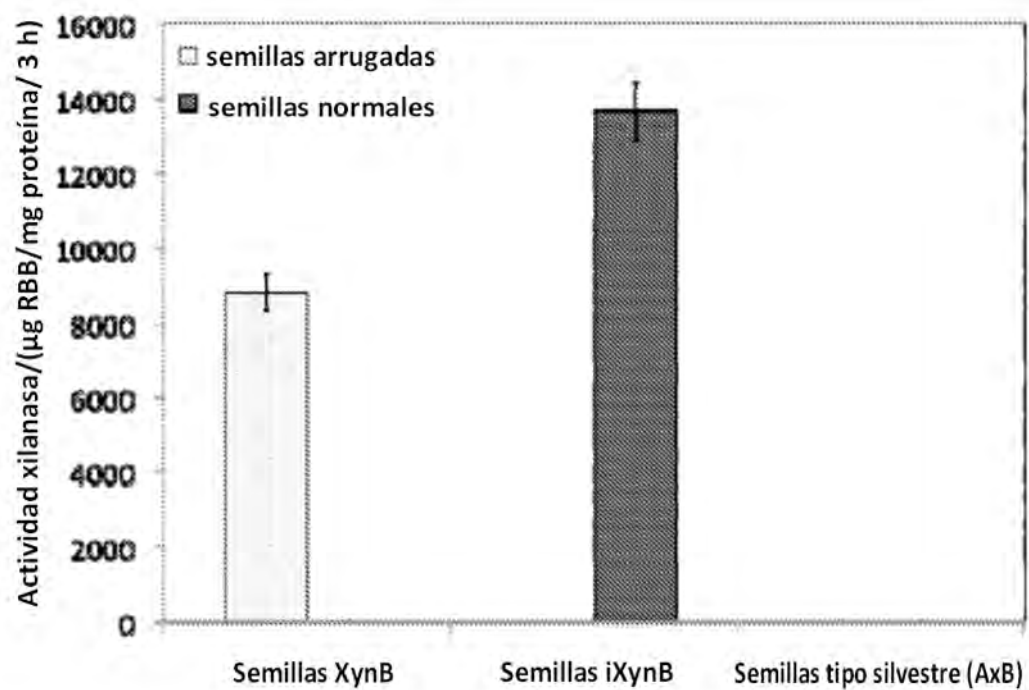


FIG. 4B

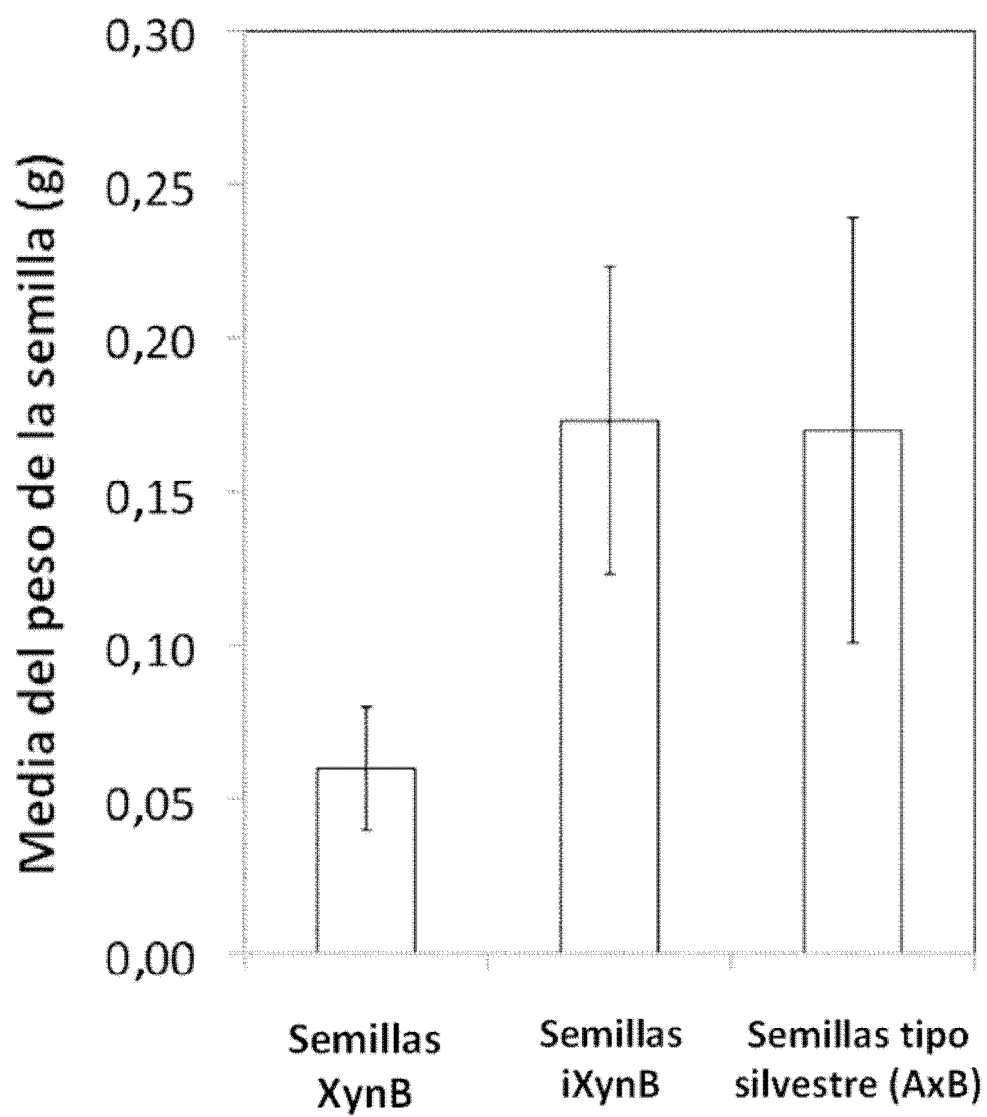


FIG. 4C

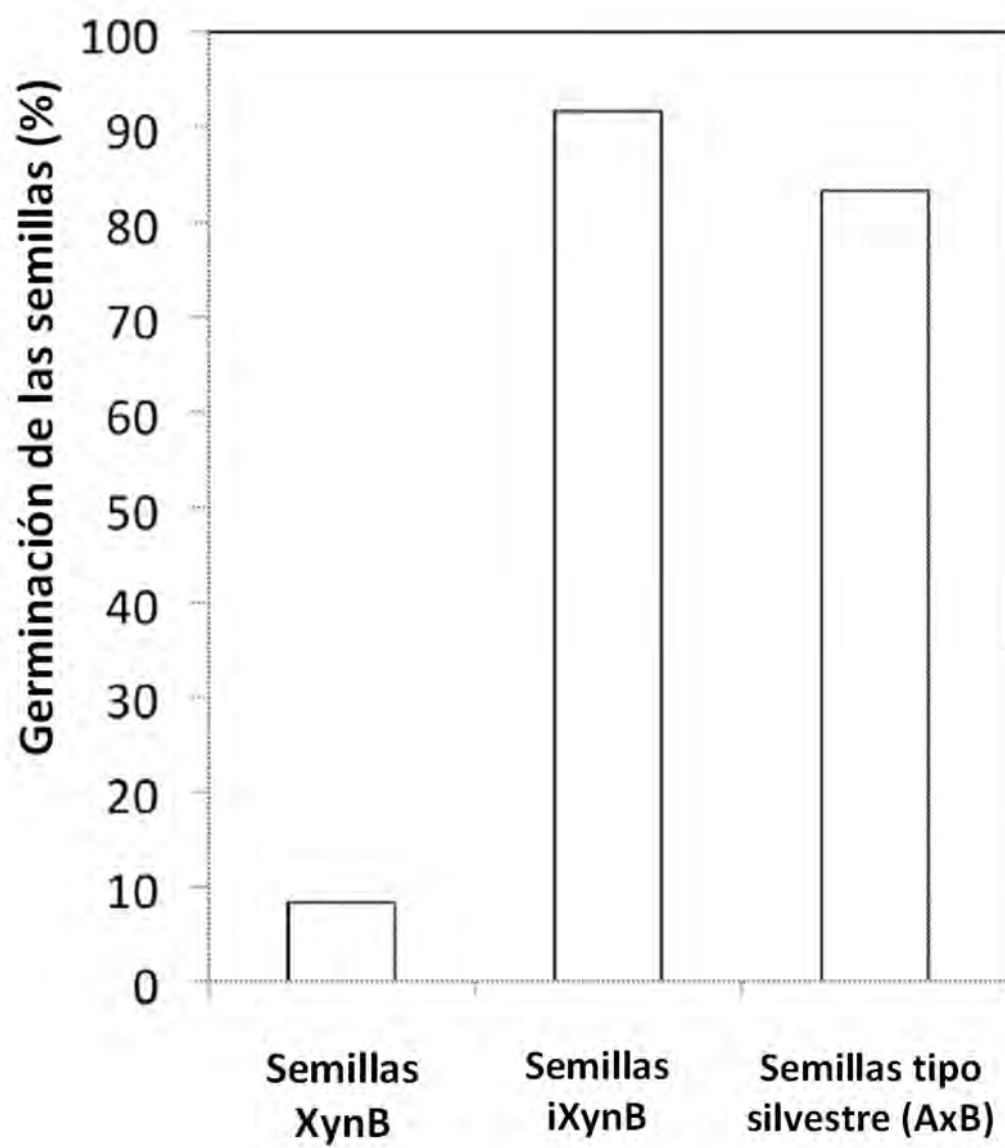


FIG. 4D

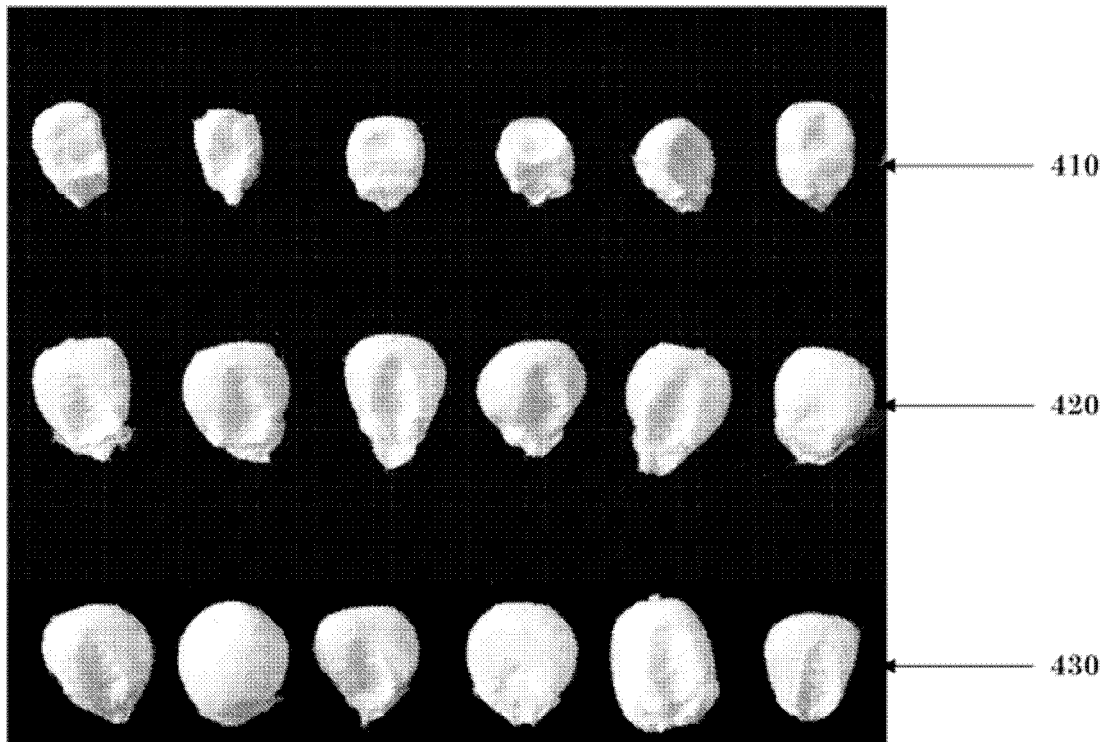


FIG 4E

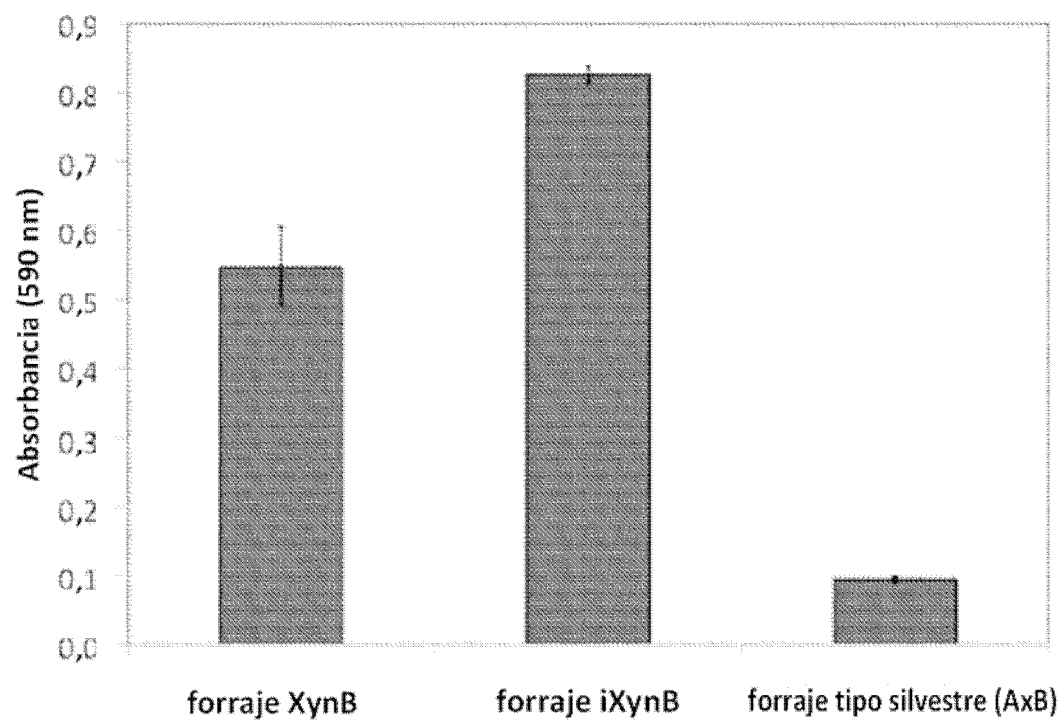


FIG. 5A

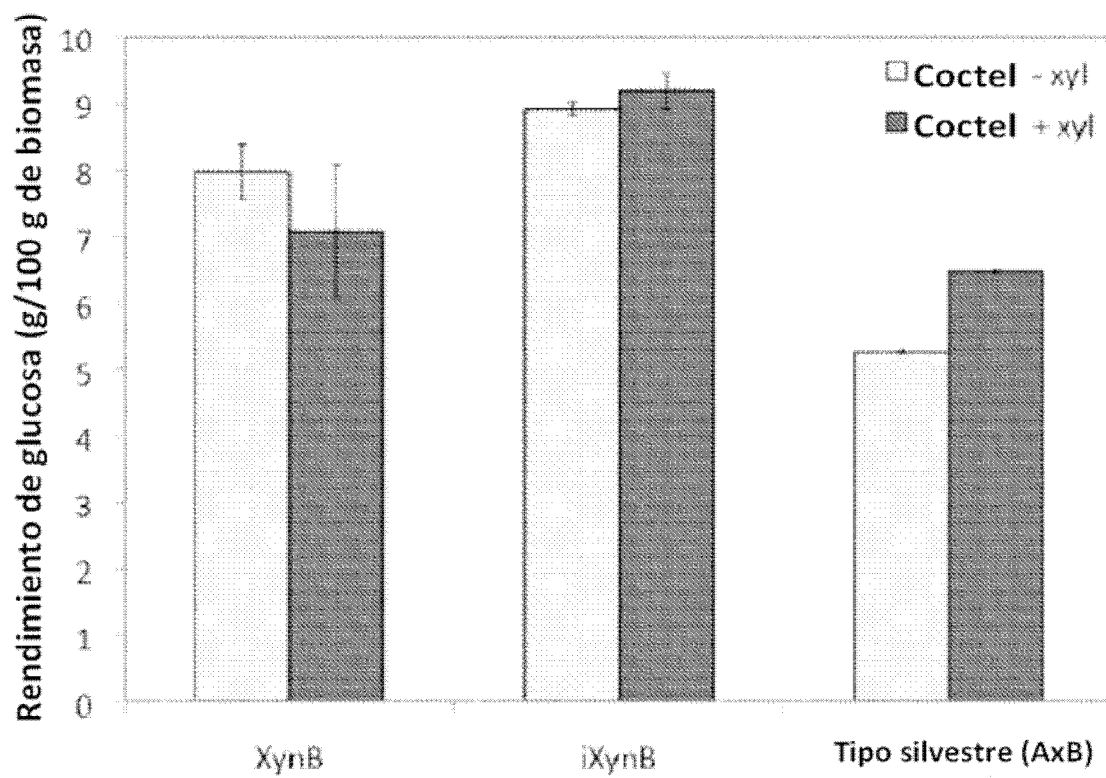


FIG. 5B

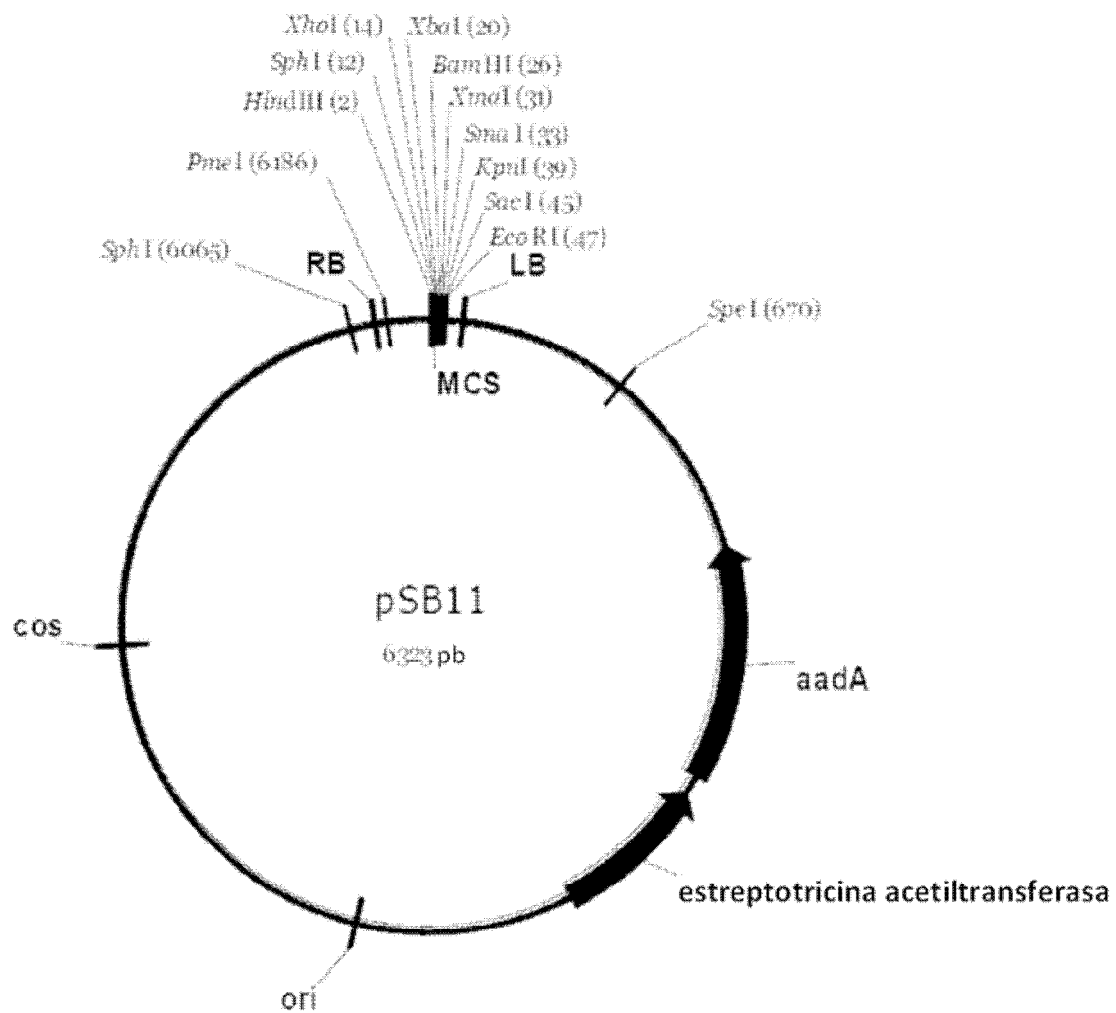


FIG. 6

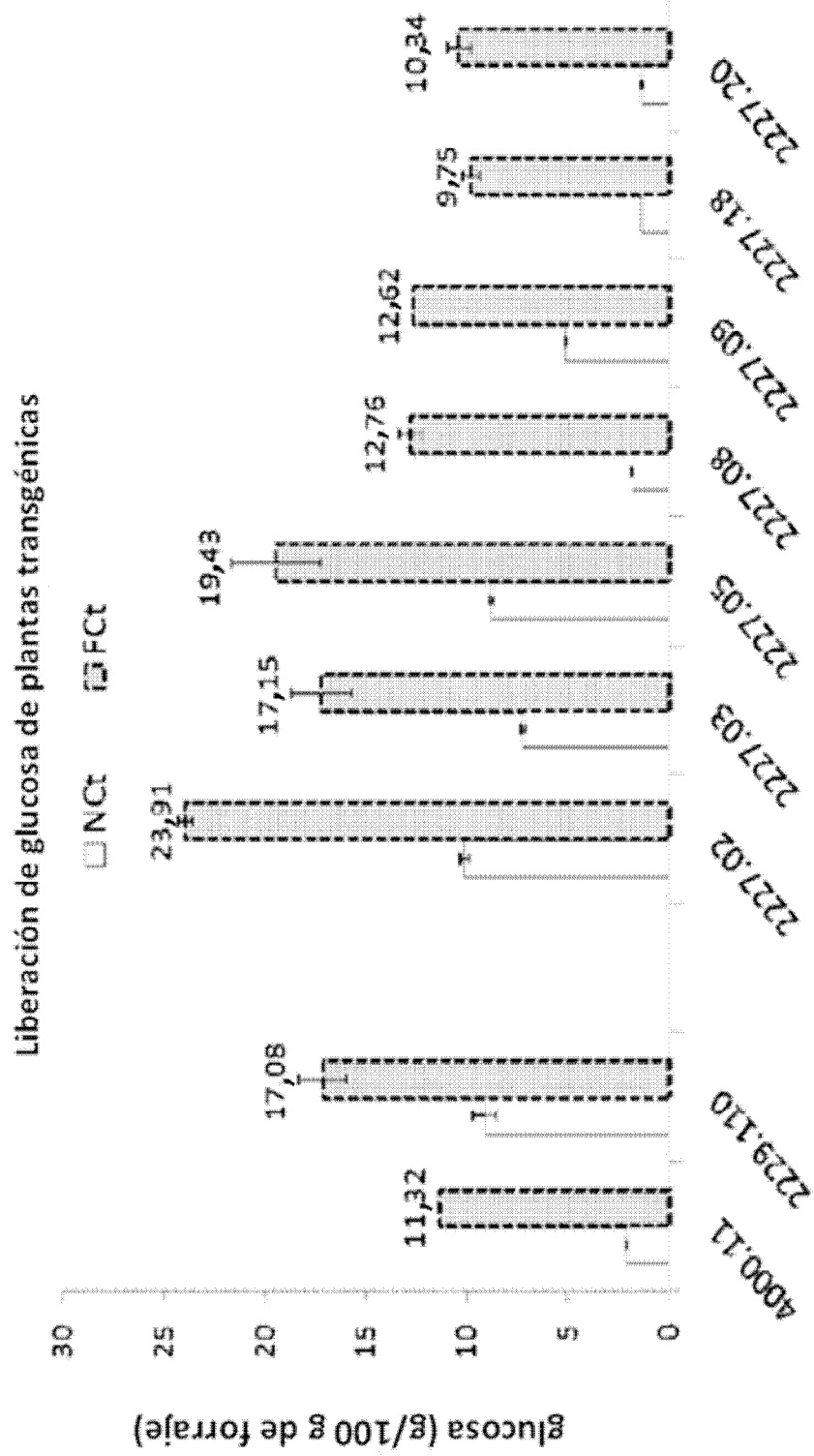


FIG. 7A

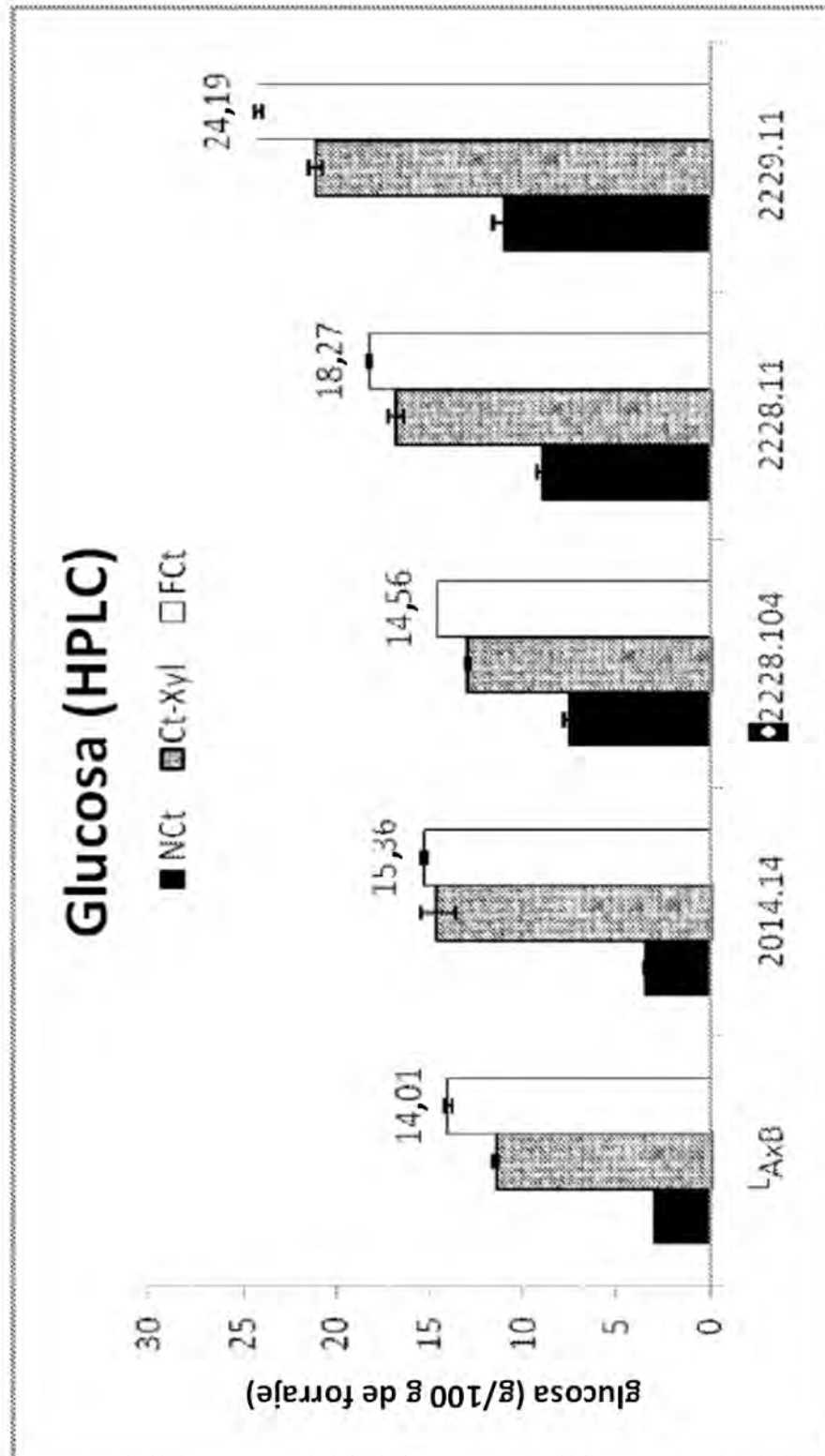


FIG. 7B

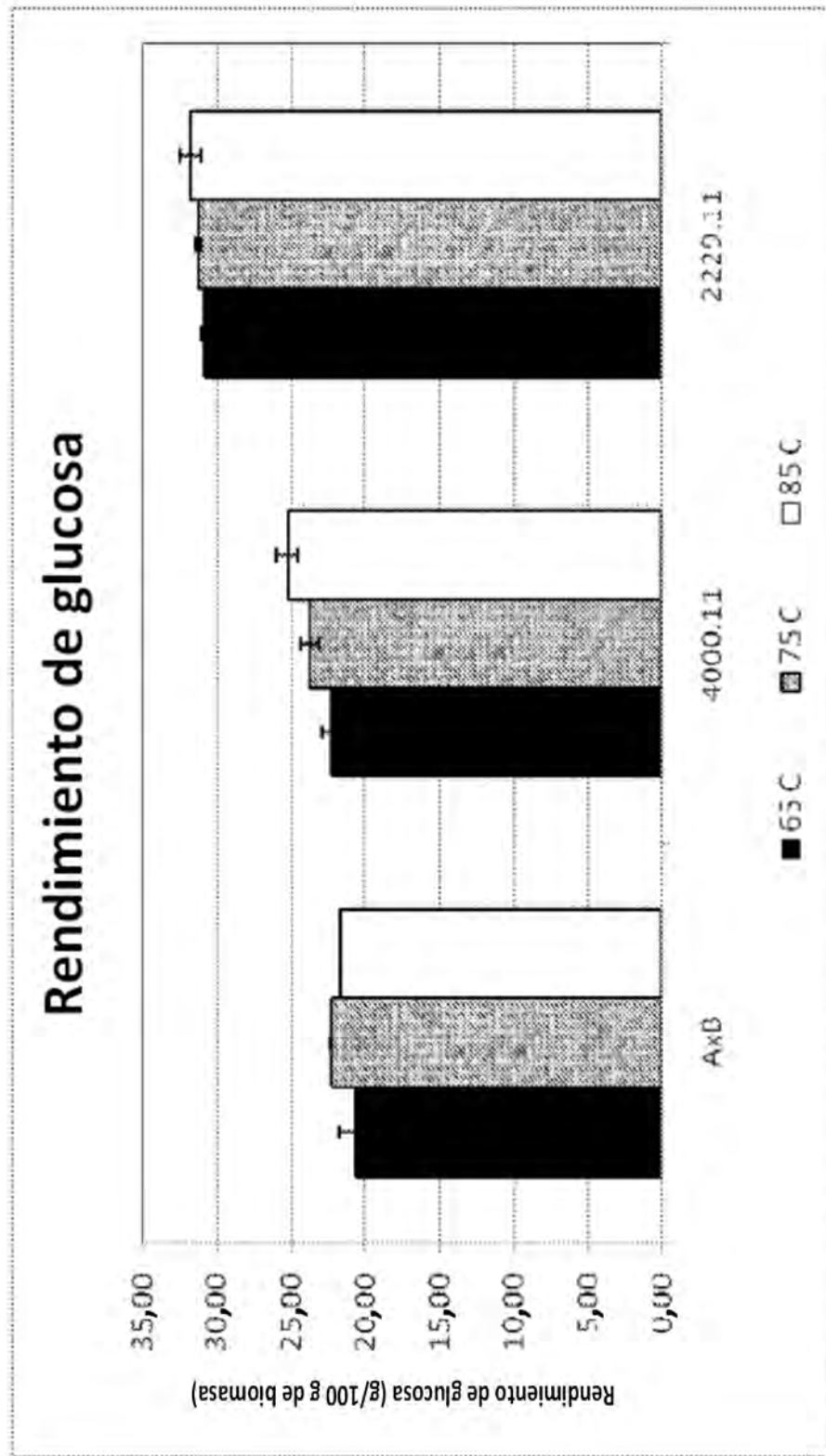


FIG. 7C