

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 584 383**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **28.03.2005** **E 12192011 (0)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **23.03.2016** **EP 2557173**

54 Título: **Promotores preferidos del cámbium/xilema y usos de los mismos**

30 Prioridad:

06.04.2004 US 560227 P

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

27.09.2016

73 Titular/es:

**FIBRIA CELULOSE S/A (100.0%)
Alameda Santos, 1357, 6th floor
Sao Paulo / SP, BR**

72 Inventor/es:

**PAPES, FABIO;
GERHARDT, ISABEL RODRIGUES y
ARRUDA, PAULO**

74 Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

ES 2 584 383 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

Promotores preferidos del cámbium/xilema y usos de los mismos

5 Campo de la invención

La invención se refiere, en líneas generales, al campo de biología molecular, bioquímica y agricultura. Más particularmente, la invención se refiere a polinucleótidos adecuados para la regulación de la expresión génica en plantas y la generación de plantas transgénicas con calidad y productividad mejoradas.

10

Antecedentes y técnica anterior de la invención

La modificación de un rasgo en plantas, a través de modificación por ingeniería genética, depende de la inserción, en el genoma de la planta, de una construcción polinucleotídica que contiene el gen de interés, unido operativamente a un promotor que es funcional en la planta transgénica. Dentro del genoma de una planta, cualquier gen sencillo está, en general, unido operativamente a un promotor, que determinará cuándo y dónde, debe expresarse el gen dentro de los tejidos y órganos de la planta. Por lo tanto, si se quiere expresar un gen de interés en los tejidos u órganos específicos dentro de una planta transgénica y de una manera temporalmente regulada, deben usarse promotores preferidos de tejido. Por otro lado, la expresión en todos los tejidos de la planta, a lo largo del ciclo de vida de la planta, se conseguiría usando promotores constitutivos.

En diversas situaciones, la expresión de genes particulares en tejidos u órganos particulares, confiere a la planta un fenotipo de interés específico. Por ejemplo, si se quiere mejorar la calidad nutricional de semillas de cereales, se inserta un gen que confiere dicho fenotipo usando promotores específicos de semillas, en lugar de usar promotores constitutivos, que permitirían al gen expresarse en todos los tejidos de la planta produciendo, en algunos casos, fenotipos no deseables. En otro ejemplo, si se quiere aumentar la cantidad de celulosa en los tejidos vasculares en desarrollo de un árbol forestal, en el genoma de la planta debe introducirse un promotor preferido de xilema y/o cámbium unido operativamente a un gen heterólogo que codifica una enzima implicada en el metabolismo de celulosa, de tal manera que podrían producirse más moléculas de celulosa en el xilema de la planta en desarrollo. En otro ejemplo, el fenotipo deseado podría obtenerse inhibiendo la expresión de un gen endógeno dentro de un tejido específico de la planta. Eso podría realizarse introduciendo una construcción que comprendiese un promotor preferido de tejido unido operativamente a un polinucleótido que inhibiese la expresión del gen endógeno, bien mediante hibridación antisentido o bien mediante silenciamiento de ARN (Matzke (ed.) et al. (2000) Plant Gene Silencing. Kluwer Academic Publishers).

35

El documento WO 99/09188 desvela un promotor específico de xilema derivado del gen de la CCoAOMT del álamo.

Hasta ahora, la producción de plantas modificadas por ingeniería genética que expresan rasgos útiles y/o deseables requiere la disponibilidad de promotores que permitan al gen o genes de interés expresarse de una manera específica de tejido y sincronización. Por tanto, el aislamiento y la caracterización de promotores preferidos de tejido, particularmente preferidos de cámbium/xilema, que pueden servir como regiones reguladoras para la expresión de secuencias nucleotídicas heterólogas de interés de una manera preferida de tejido, es esencial para la modificación de plantas, mediante ingeniería genética, que exhiben rasgos particulares.

45 Sumario de la invención

Un primer objeto de la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico aislada que tiene la capacidad de iniciar, en una planta, la transcripción de un gen de una manera preferida de tejido de cámbium, en el que dicha molécula de ácido nucleico aislada comprende una secuencia de nucleótidos como se expone en la SEQ ID NO: 10.

50

Un segundo objeto de la invención se refiere a un vector de expresión, preferentemente un plásmido, que comprende:

55

i) la molécula de ácido nucleico aislada, como se define anteriormente; y

ii) una molécula de ácido nucleico que codifica una proteína de interés,

en la que (i) y (ii) están en unión operativa, en la que (i) no regula normalmente (ii).

Un tercer objeto de la invención se refiere a una célula de planta hospedadora recombinante, en la que dicha célula hospedadora recombinante se transforma o transfecta de manera estable con y comprende

60

i) la molécula de ácido nucleico aislada como se define anteriormente; y

65

ii) una molécula de ácido nucleico que codifica una proteína de interés,

en la que (i) y (ii) están en unión operativa, en la que (i) no regula normalmente (ii).

Un cuarto objeto de la invención se refiere a una célula hospedadora recombinante, en la que dicha célula hospedadora recombinante se transforma o transfecta con, y comprende, el vector de expresión como se define anteriormente.

Otro objeto de la invención se refiere a un método de preparación de una célula de planta hospedadora recombinante, comprendiendo dicho método transformar o transfectar una célula con el vector de expresión como se define anteriormente.

Otro objeto de la invención se refiere a un método de preparación de una proteína codificada por el vector de expresión como se define anteriormente, que comprende transformar o transfectar una célula con dicho vector de expresión, y cultivar dicha célula en condiciones favorables para la expresión de dicha proteína.

Otro objeto de la invención se refiere a un método para la preparación de una proteína, comprendiendo dicho método cultivar una planta o una parte de la planta, que comprenda una célula de planta hospedadora recombinante como se define anteriormente, en condiciones que favorezcan la producción de dicha proteína por dicha planta o parte de planta.

Otro objeto de la invención se refiere a una planta o a una parte de la planta que comprende la célula de planta recombinante como se define anteriormente.

La presente memoria descriptiva describe moléculas de ácido nucleico reguladoras aisladas del genoma de *Populus* sp, y métodos para regular la expresión de secuencias nucleotídicas heterólogas en tejidos de plantas, tal como de una manera preferida de xilema y/o cámbium. En el presente documento se describen moléculas de ácido nucleico aisladas que representan promotores con capacidad para dirigir la expresión específica de tejido de genes de interés. Las moléculas de ácido nucleico reguladoras descritas en el presente documento corresponden a secuencias promotoras de genes que se expresan preferentemente en el cámbium y/o en el xilema de *Populus* sp. Se descubrió que, los genes que codificaban isoformas de sacarosa sintasa (SuSy), alfa-tubulina (TUB), proteína arabinogalactánica (ARAB), ácido cafeico 3-O-metiltransferasa (COMT), cinamil alcohol deshidrogenasa (CAD), cinamato 4-hidroxilasa (C4H), cinamoil CoA reductasa (CCR), ferulato-5-hidroxilasa (F5H), sinapil alcohol deshidrogenasa (SAD), UDP-D-glucuronato carboxi-liasa (UDP), proteína de transferencia de lípidos (LTP) y ag-13 (AG13), se expresaban en el tejido del cámbium/xilema de *Populus* sp y sus promotores se habían aislado, clonado y validado. Cuando estos promotores se asociaban en una planta transgénica con genes distintos a aquellos con los que se unían originalmente, los genes en cuestión se expresaban preferentemente en el cámbium y/o en el xilema de dicha planta transgénica. Se proporcionan métodos de uso de los promotores preferidos de cámbium/xilema, desvelados en el presente documento, para la regulación, en una planta, de la expresión de secuencias de nucleótidos heterólogas, de una manera preferida de cámbium y/o xilema.

Los promotores preferidos de cámbium/xilema se identificaron mediante el análisis de un conjunto de etiquetas de secuencia expresada (EST, acrónimo del inglés *Expressed Sequence Tag*) de *Populus* sp, que representan tejidos del brote apical, la corteza, el cámbium, la semilla, el xilema, la hoja y la raíz. Basándose en el perfil de expresión de estas EST entre los diferentes tejidos, se mostró que los doce genes indicados anteriormente se expresaban de manera elevada y preferentemente en el cámbium y/o xilema de *Populus*.

Los promotores preferidos de cámbium/xilema descritos en el presente documento se exponen en las SEQ ID NOS.: 1-12. También se describen fragmentos de estas secuencias de nucleótidos, es decir, los expuestos en las SEQ ID NOS.: 1-12 que comprenden al menos 20 nucleótidos consecutivos. Los fragmentos más pequeños, aunque no necesariamente codifican promotores o proteínas con actividad promotora, pueden actuar como moléculas antisentido y desactivar genes expresados y de origen natural. Las composiciones descritas comprenden adicionalmente secuencias de nucleótidos que tienen una identidad de al menos 65 % con las secuencias expuestas en las SEQ ID NOS.: 1-12 o con un fragmento de las mismas, y secuencias de nucleótidos que hibridan en condiciones de alta rigurosidad con una cualquiera de las secuencias anteriormente mencionadas.

“Condiciones rigurosas”, como se usa en el presente documento, se refieren a parámetros con los que la técnica está familiarizada, tales como hibridación en 3,5xSSC, solución 1xDenhardt, tampón fosfato sódico 25mM (pH 7,0), SDS al 0,5 % y EDTA 2mM durante 18 horas a 65 ° C, seguido de 4 lavados del filtro a 65 ° C durante 20 minutos, en 2XSSC, SDS al 0,1 %, y un lavado final durante hasta 20 minutos en 0,5xSSC, SDS al 0,1 % o 0,3xSSC y SDS al 0,1 % para mayor rigurosidad, y 0,1xSSC, SDS al 0,1 % para incluso mayor rigurosidad. Otras condiciones pueden sustituirse, siempre que el grado de rigurosidad sea igual al proporcionado en el presente documento, usando un lavado final de 0,5xSSC.

Otras facetas de la presente invención incluyen construcciones, tales como vectores de expresión que comprenden los promotores unidos operativamente a una secuencia de nucleótidos de interés, que codifica una proteína deseada. El promotor desvelado en el presente documento tiene la capacidad de dirigir la expresión de polinucleótidos de interés en una célula de planta y dicho promotor comprende una cualquiera de las secuencias de

nucleótidos de la presente invención.

También son una parte de la invención plantas recombinantes o células de plantas que tienen, en sus genomas, incorporadas de manera estable las construcciones descritas anteriormente o el propio promotor.

Los métodos de la invención también incluyen métodos para incorporar en las células, de manera estable, los productos de la invención.

Breve descripción de los dibujos

La Figura 1 ilustra esquemáticamente el vector plasmídico pAPROMATG+promotor que comprende el gen indicador GUS unido operativamente a una secuencia promotora. Los promotores se clonaron en este vector plasmídico en sustitución de la secuencia promotora representada.

La Figura 2 muestra el perfil de expresión de genes SuSy, TUB, ARAB, UDP, LTP y AG13, en un conjunto de tejidos de *Populus*, que están bajo el control de los promotores descritos en el presente documento en *Populus*.

La Figura 3 muestra el perfil de expresión de genes COMT; CAD, C4H, CCR, F5H y SAD, en un conjunto de tejidos de *Populus*, que están bajo el control de los promotores de la memoria descriptiva en *Populus*.

La Figura 4 ilustra esquemáticamente el vector plasmídico pALELLYXgi que es otro aspecto de la divulgación.

Las Figuras 5A y 5B muestran actividad beta-glucuronidasa en el tallo en floración de plantas de *Arabidopsis* transformadas de acuerdo con el Ejemplo 3.

Descripción detallada de las realizaciones preferidas

Las composiciones descritas en el presente documento comprenden nuevas secuencias de nucleótidos para promotores de plantas, particularmente promotores preferidos de cámbium/xilema para los genes de *Populus* (álamo leñoso) que codifican sacarosa sintasa (SuSy), alfa-tubulina (TUB); proteína arabinogalactánica (ARAP), ácido cafeico 3-O-metiltransferasa (COMT), cinamil alcohol deshidrogenasa (CAD), cinamato 4-hidrolasa (C4H), cinamoil CoA reductasa (CCR), ferulato-5-hidroxilasa (F5H), sinapil alcohol deshidrogenasa (SAD), UDP-D-glucuronato carboxi-liasa (UDP), proteína de transferencia de lípidos y ag-13 (AG13). Las secuencias de nucleótidos de estos promotores se exponen en las SEQ ID NOS.: 1-12, respectivamente. Estos promotores se aislaron de la región no traducida 5' que flanquea los sitios de inicio de la transcripción de sus genes respectivos. En la técnica se conocen bien métodos para el aislamiento de los promotores e incluyen herramientas bioinformáticas, tales como Phred, Phrap, Consed (Gordon et al. (1998) Genome Research. 8:195-202) para el ensamblaje de genes, alineamiento de secuencias (Durbin et al. (1998) Biological sequence analysis - probabilistic models of proteins and nucleic acids. Cambridge University Press, Cambridge, UK), búsqueda funcional (Altschul et al. (1997) Nucleic Acid Res: 25:3389-3402) y técnicas de PCR (Sambrook y Russell (2001) Molecular Cloning - a laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA). Algunos de estos métodos se describen en el Ejemplo 1 anteriormente.

Se describen moléculas de ácido nucleico aisladas que abarcan 0,1 kb, 0,5 kb, 1 kb, 2 kb, 3 kb, 4 kb o 5 kb que comienzan en el codón de inicio ATG para la región codificante de los genes en cuestión. En el presente documento, las moléculas de ácido nucleico aisladas reciben el nombre de promotores. Los promotores corresponden a las moléculas de ácido nucleico cuya función es regular la expresión de un gen. Un promotor generalmente comprende secuencias de señalización específicas denominadas cajas, que se disponen a lo largo de la secuencia promotora, de tal manera que su composición determina la expresión temporal y espacial de un gen que está bajo su control regulador. "Promotor" o "región de inicio de la transcripción" significa una región reguladora de ADN que normalmente comprende una caja TATA que tiene la capacidad de dirigir la ARN polimerasa 2 para iniciar la síntesis de ARN en el sitio de inicio de la transcripción apropiado para una secuencia codificante particular. Un promotor puede comprender adicionalmente otras secuencias de reconocimiento, generalmente ubicadas cadena arriba o en dirección 5' hacia la caja TATA, denominadas elementos promotores cadena arriba, que influyen en la velocidad de inicio de la transcripción. Se reconoce que, habiendo identificado las secuencias de nucleótidos para las regiones promotoras desveladas en el presente documento, el aislar e identificar elementos reguladores adicionales en la región no traducida 5', cadena arriba desde las regiones promotoras particulares identificadas en el presente documento, se encuentra dentro de la última tecnología.

Por tanto, las regiones promotoras desveladas en el presente documento, en general, también se definen por elementos reguladores cadena arriba adicionales, tales como los responsables de la expresión temporal y tisular de la secuencia codificante, potenciadores y similares. De la misma manera, los elementos promotores, que facilitan la expresión en el tejido deseado, tal como xilema y/o cámbium, pueden identificarse, aislarse y utilizarse con otro promotor principal para conferir expresión preferida en el cámbium/xilema.

En el presente documento se describen promotores que regulaban la expresión de genes específicamente en el cámbium y/o xilema, que se identificaron y aislaron de *Populus* sp.

El gen SuSy codifica una isoforma de sacarosa sintasa, una enzima implicada en la transformación de sacarosa en UDP-glucosa en el xilema en desarrollo. La UDP-glucosa es el bloque funcional de la celulosa que se sintetiza y

deposita en la pared celular de la planta. El gen SuSy desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 2).

- 5 El gen TUB codifica una isoforma de alfa-tubulina, una proteína globular estructural implicada en la formación de microtúbulos, que forman parte del citoesqueleto. El gen TUB desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium y/o xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 2).
- 10 El gen ARAB codifica una isoforma de proteína arabinogalactánica, miembro de una gran familia de glucoproteínas asociadas a la pared celular de las plantas de función desconocida. El gen ARAB desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 2).
- 15 El gen COMT codifica una isoforma de ácido cafeico 3-O-metiltransferasa implicado en la metilación tanto del ácido cafeico como del ácido 5-hidroxiferúlico. Estos son compuestos intermedios de la biosíntesis de lignina. El gen COMT desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 20 El gen CAD codifica una isoforma de cinamil alcohol deshidrogenasa, una enzima que cataliza la etapa final en la síntesis de monolignoles, transformando de este modo los cinamaldehídos en sus alcoholes correspondientes. El gen CAD desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 25 El gen C4H codifica una isoforma de cinamato 4-hidroxilasa, un miembro de la superfamilia de monooxigenasas del citocromo P450 implicado en la catálisis de la primera reacción oxidativa en el metabolismo de los fenilpropanoides, en concreto, en la transformación del ácido trans-cinámico en ácido p-coumárico. El gen C4H desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 30 El gen CCR codifica una isoforma de cinamoil CoA reductasa, que cataliza la transformación de ésteres de cinamoil CoA en sus cinamaldehídos correspondientes, la primera etapa específica en la síntesis de monómeros de lignina. El gen CCR desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 35 El gen F5H codifica una monooxigenasa dependiente de P450 que cataliza la hidroxilación de ácido ferúlico en una biosíntesis dirigida hacia ácido sinápico y siringil lignina. El gen F5H desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 40 El gen SAD codifica una sinapil alcohol deshidrogenasa que actúa como mediadora en la reducción de sinapaldehído en siringil monolignoles en angiospermas. El gen SAD gene desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 45 El gen UDP codifica la enzima UDP-D-glucuronato carboxi-liasa implicada en la degradación de UDP-D- glucuronato en UDP-D-xilosa y CO₂. El gen UDP desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 50 El gen LTP codifica una isoforma de proteína de transferencia de lípidos, un miembro de una familia que se piensa que participa en la formación de cutina, embriogénesis, reacciones de defensa contra fitopatógenos, simbiosis, y en la adaptación de las plantas a diversas condiciones ambientales. El gen LTP desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 55 El gen AG13 codifica una proteína ag-13 de función desconocida, cuya expresión se ha asociado con el proceso de maduración en diversas especies de plantas. El gen AG13 desvelado en el presente documento se expresa preferentemente en el cámbium/xilema de *Populus* sp, aunque en otros tejidos pueden observarse niveles de expresión bajos (FIG. 3).
- 60 Las secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema descritas en el presente documento dirigen la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente de una manera preferida de cámbium/xilema. El Ejemplo 4 ilustra la expresión del gen indicador GUS en el complejo de vasos/fibras del cámbium/xilema de *Arabidopsis thaliana* transformado con una construcción que contiene el gen indicador GUS unido operativamente a dos promotores preferidos de cámbium/xilema de la invención, es decir, los promotores TUB (SEQ ID NO.: 2) y C4H (SEQ ID NO.: 6). El ejemplo 4 también resume resultados que muestran la expresión del gen indicador GUS en
- 65

plantas de *Arabidopsis* transformadas con construcciones que contienen el gen indicador GUS unido operativamente a cada una de las secuencias promotoras desveladas en el presente documento. Por tanto, las secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema desveladas en el presente documento pueden usarse para expresar una secuencia de interés unida operativamente en el cámbium y/o en el xilema. Por tanto, pueden usarse promotores preferidos de cámbium/xilema para mejorar la calidad de la madera de los árboles, bien aumentando la síntesis de celulosa o disminuyendo la síntesis de lignina. “Disminuyendo la síntesis de lignina” significa disminuir el contenido total de lignina de los árboles leñosos de entre cualquiera de 1-90 %, preferentemente entre aproximadamente 80-90 % con respecto al contenido de lignina en plantas normales cultivadas en campos. “Aumentando la síntesis de celulosa” significa aumentar el contenido total de celulosa de árboles leñosos en 1,90 %, preferentemente entre aproximadamente 80-90 %, en comparación con plantas normales cultivadas en campos.

Además, los promotores preferidos de cámbium/xilema pueden usarse para inhibir la expresión de genes implicados en el metabolismo del xilema en desarrollo. La inhibición de dichos genes disminuye la concentración de lignina y/o cambia la relación entre guayacilo y siringilo, los bloques funcionales de las ligninas. La composición monomérica de las ligninas es una característica importante desde el punto de vista industrial, porque las ligninas ricas en unidades siringilo se degradan más fácilmente durante el proceso de pulpeo, ya que contienen enlaces de carbono 5-5' menos fuertes. Por tanto, la determinación de la proporción de siringilo con respecto a guayacilo (S/G) es útil en la evaluación de la calidad de la madera para la producción de celulosa y la fabricación de papel (Boudet et al., 1998). “El cambio de la relación entre siringilo y guayacilo” se refiere a aumentar la proporción de siringilo/guayacilo en 1-90 %, preferentemente de aproximadamente 80-90 % en comparación con plantas normales cultivadas en campos.

Otras moléculas de ácido nucleico descritas en el presente documento son variantes y/o fragmentos de las secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema, tales como las que codifican fragmentos, análogos o derivados de secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema nativas desveladas en el presente documento. Dichas variantes y/o fragmentos pueden ser, por ejemplo, variantes de origen natural de secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema, o variantes de origen no natural de secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema. Por ejemplo, la secuencia de nucleótidos de dichas variantes y/o fragmentos puede incluir deleciones, adiciones y/o sustituciones de uno o más nucleótidos en comparación con las secuencias promotoras nativas preferidas de cámbium/xilema. Dichas variantes y/o fragmentos pueden conservar la actividad biológica y por tanto conducir, de una manera preferida de cámbium/xilema, la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente. Los fragmentos de secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema comprenden de aproximadamente 10, a aproximadamente 4.000 nucleótidos o hasta el número de nucleótidos en las secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema de longitud completa desveladas en el presente documento, tal como los 700-3.500 nucleótidos de las SEQ ID NOS.: 1-12.

Por “variantes” se entiende la inclusión de secuencias sustancialmente similares. Las “variantes” de origen natural y no natural de secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema, son moléculas de ácido nucleico que tienen una identidad de secuencia de al menos 65 % con las secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema nativas desveladas en el presente documento, es decir, SEQ ID NOS.: 1-12. Las “variantes” también incluyen moléculas de ácido nucleico que hibridan en condiciones rigurosas, como se define en el presente documento, con las secuencias de ácido nucleico promotoras preferidas de cámbium/xilema de SEQ ID NOS.: 1-12 o con el complemento de las secuencias de SEQ ID NOS.: 1-12. Por ejemplo, dichas “variantes” pueden ser moléculas de ácido nucleico que hibridan con la secuencia de SEQ ID NOS.: 1-12 o con el complemento de las secuencias de SEQ ID NOS.: 1-12 en condiciones de rigurosidad baja, en condiciones de rigurosidad moderada, o en condiciones de rigurosidad alta. Como alternativa, dichos ácidos nucleicos son los que tienen una secuencia de nucleótidos que es el complemento de la longitud completa o de partes de las secuencias de SEQ ID NOS.: 1-12. Otras variantes de secuencias promotoras preferidas de cámbium/xilema descritas en el presente documento son polinucleótidos que comparten una identidad de secuencia de al menos 65 %, preferentemente al menos 80 %, más preferentemente al menos 90 %, y lo más preferentemente al menos 95 %, con las secuencias de SEQ ID NOS.: 1-12 o el complemento de las secuencias de SEQ ID NOS.: 1-12.

Las “condiciones rigurosas”, como las usadas en el presente documento, se refieren a los parámetros expuestos anteriormente.

Para los fines de la presente invención, la identidad de secuencia de cualquiera de las secuencias promotoras desveladas en el presente documento se realiza preferentemente usando metodologías conocidas en la técnica tales como el programa BLAST, o cualquier programa de alineamiento de secuencias que permita el alineamiento de nucleótidos idénticos y la verificación de emparejamiento erróneos entre nucleótidos no idénticos de manera que pueda calcularse el porcentaje de identidad de las secuencias comparadas.

Los promotores preferidos de cámbium/xilema descritos en el presente documento pueden usarse para expresar un gen de interés. Por ejemplo, usando promotores preferidos de cámbium/xilema, la expresión de genes nativos y/o no nativos podría regularse en los tejidos del cámbium y/o xilema de una planta, alterando de este modo el contenido de celulosa, el contenido de lignina, la resistencia a patógenos o a insectos, el desarrollo y calidad de la madera, y similares, de la planta:

Los genes nativos y/o no nativos incluyen aquellas enzimas codificantes, transportadores; cofactores, factores de la transcripción y diversos otros genes que afectarían a la deposición de celulosa y/o lignina en la planta o a la resistencia a patógenos o a insectos.

- 5 Para la presente invención, los “genes de interés” incluyen aquellos que están implicados en el metabolismo de la celulosa y de la lignina. Se reconoce que cualquier gen de interés puede estar unido operativamente al promotor de la invención y expresarse en los tejidos del cámbium y/o xilema de la planta.

10 Cuando los promotores preferidos de cámbium/xilema de la presente invención están unidos operativamente a un gen de interés e incorporados de manera estable en el genoma de una planta, dirigen la expresión preferida de cámbium y/o xilema de dicho gen de interés. Se entiende que, la expresión preferida de cámbium y/o xilema significa que la expresión del gen de interés es más abundante en el cámbium y/o en el xilema, aunque en otros tejidos de la planta puede aparecer algún nivel de expresión del gen de interés. El cámbium incluye cualquier parte del tejido del cámbium o procámbium en cualquier órgano de la planta, incluyendo, pero sin limitación, la raíz, brote, tallo, madera, 15 hoja, peciolo y similares. Xilema significa cualquier parte del tejido del xilema, incluyendo pero sin limitación, traqueidas, elementos traqueales, vasos, fibras anastomosadas y médula. Algunos de los promotores desvelados en el presente documento pueden dirigir, de forma perceptible, la expresión de genes, al xilema secundario en lugar de al xilema primario.

20 Las construcciones que contienen los promotores preferidos de cámbium/xilema desvelados en la presente invención y un gen de interés unido operativamente, pueden proporcionarse en casetes de expresión como se representa en las figuras. Dichos casetes de expresión comprenden los promotores preferidos de cámbium/xilema de la presente invención, o variantes o fragmentos de los mismos, unidos operativamente a un gen de interés cuya expresión se dirige al cámbium y/o xilema. Dicho casete de expresión puede contener sitios de restricción para la inserción del gen de interés bajo el control transcripcional de los promotores preferidos de cámbium/xilema. El casete de expresión puede contener adicionalmente diversas otras secuencias de ácido nucleico, incluyendo genes 25 marcadores de selección; secuencias de inicio de la transcripción y de la traducción y una secuencia de terminación de la transcripción y la traducción de la planta. La región de terminación puede ser nativa con la secuencia de ADN de interés o puede ser la del plásmido Ti de *A. tumefaciens*, tales como las regiones terminadoras de la octopina sintasa y de la nopalina sintasa (Gielen et al., EMBO J., 3:835-846 (1984), Depicker et al., Mol. y Appl. Genet., 1:561-573 81982))

30 En los casetes de expresión pueden incluirse genes indicadores o genes marcadores de selección. Pueden encontrarse ejemplos de genes indicadores adecuados conocidos en la técnica, por ejemplo, en Jefferson et al. (1991) en Plant Molecular Biology Manual, ed. Gelvin et al. (Kluwer Academic Publishers), pág. 1-33. Los genes marcadores de selección para la selección de células o tejidos transformados pueden incluir genes que confieren resistencia a herbicidas. Los ejemplos de genes marcadores de selección adecuados incluyen, pero sin limitación, genes que codifican resistencia a sulfonamida (Guerineau et al. (1990) Plant Mol. Biol. 15:127-136), bromoxinil (Stalker et al. (1988) Science 242:419-423), glifosato (Shaw et al. (1986) Science 233:478-481) y a fosfinitricina (DeBlock et al. (1987) EMBO J. 6:2513-2518).

Los casetes de expresión de la presente invención, unidos operativamente a un gen de interés, son útiles para la transformación de diversas plantas. Dichas plantas, incluyen, pero sin limitación, especies de *Eucalyptus* (*E. alba*, *E. albens*, *E. amygdalina*, *E. aromaphloia*, *E. baileyana*, *E. balladoniensis*, *E. bicostata*, *E. botryoides*, *E. brachyandra*, *E. brassiana*, *E. brevistylis*, *E. brockwayi*, *E. camaldulensis*, *E. ceracea*, *E. cloeziana*, *E. coccifera*, *E. cordata*, *E. cornuta*, *E. corticosa*, *E. crebra*, *E. croajingolensis*, *E. curtisii*, *E. dalrympleana*, *E. deglupta*, *E. delegatensis*, *E. delicata*, *E. diversicolor*, *E. diversifolia*, *E. dives*, *E. dolichocarpa*, *E. dundasii*, *E. dunnii*, *E. elata*, *E. erythrocorys*, *E. erythrophloia*, *E. eudesmoides*, *E. falcata*, *E. gamophylla*, *E. glaucina*, *E. globulus*, *E. globulus subsp. bicostata*, *E. globulus subsp. globulus*, *E. gongylocarpa*, *E. grandis*, *E. grandis x urophylla*, *E. guilfoylei*, *E. gunnii*, *E. hallii*, *E. houseana*, *E. jacksonii*, *E. lansdowneana*, *E. latisinensis*, *E. leucophloia*, *E. leucoxydon*, *E. lockyeri*, *E. lucasii*, *E. maidenii*, *E. marginata*, *E. megacarpa*, *E. melliodora*, *E. michaeliana*, *E. microcorys*, *E. microtheca*, *E. muelleriana*, *E. nitens*, *E. nitida*, *E. obliqua*, *E. obtusiflora*, *E. occidentalis*, *E. optima*, *E. ovata*, *E. pachyphylla*, *E. pauciflora*, *E. pellita*, *E. perriniana*, *E. petiolaris*, *E. pilularis*, *E. piperita*, *E. platyphylla*, *E. polyanthemos*, *E. populnea*, *E. preissiana*, *E. pseudoglobulus*, *E. pulchella*, *E. radiata*, *E. radiata subsp. radiata*, *E. regnans*, *E. risdonii*, *E. robertsonii*, *E. rodwayi*, *E. rubida*, *E. rubiginosa*, *E. saligna*, *E. salmonophloia*, *E. scoparia*, *E. sieberi*, *E. spathulata*, *E. staeri*, *E. stoatei*, *E. tenuipes*, *E. tenuiramis*, *E. tereticornis*, *E. tetragona*, *E. tetradonta*, *E. tindaliae*, *E. torquata*, *E. umbra*, *E. urophylla*, *E. vernicosa*, *E. viminalis*, *E. wandoo*, *E. wetarensis*, *E. willisii*, *E. willisii subsp. falciformis*, *E. willisii subsp. willisii*, *E. woodwardii*), especies de *Populus* (*P. alba*, *P. alba x P. grandidentata*, *P. alba x P. trémula*, *P. alba x P. trémula var. glandulosa*, *P. alba x P. tremuloides*, *P. balsamifera*, *P. balsamifera subsp. trichocarpa*, *P. balsamifera subsp. trichocarpa x P. deltoides*, *P. ciliata*, *P. deltoides*, *P. euphratica*, *P. euramericana*, *P. kitakamiensis*, *P. lasiocarpa*, *P. laurifolia*, *P. maximowiczii*, *P. maximowiczii x P. balsamifera subsp. trichocarpa*, *P. nigra*, *P. sieboldii*, *P. grandidentata*, *P. suaveolens*, *P. szechuanica*, *P. tomentosa*, *P. trémula*, *P. trémula x P. tremuloides*, *P. tremuloides*, *P. wilsonii*, *P. canadensis*, *P. yunnanensis*) y coníferas, tales como, por ejemplo, pino del lodazal (*Pinus taeda*), pino del inciado (*Pinus elliotii*), pino ponderosa (*Pinus ponderosa*), pino lodgepole (*Pinus contorta*) y pino Monterey (*Pinus radiata*); abeto de Douglas (*Pseudotsuga menziesii*); cicuta occidental (*Tsuga canadensis*); abeto Sitka (*Picea glauca*); secuoya (*Sequoia sempervirens*); abeto verdadero, tal como abeto de navidad (*Abies amabilis*)

y abeto balsámico (*Abies balsamea*); y cedros tales como cedro rojo occidental (*Thuja plicata*) y cedro amarillo de Alaska (*Chamaecyparis nootkatensis*).

5 Los casetes de expresión pueden incorporarse de manera estable en los genomas de las plantas mediante transformación mediada por *Agrobacterium* (Fraley et al. (1983) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 80:4803-4807) o mediante el método biobalístico (Klein et al. (1987) Nature. 327:70-73).

10 Todos los términos técnicos que se utilizan en el presente documento son términos comúnmente usados en bioquímica, biología molecular y agricultura, y un experto habitual en la materia, a la cual pertenece la presente invención, los conoce. Estos términos técnicos pueden encontrarse en: Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3ª ed., vol. 1-3, ed. Sambrook y Russel, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, Nueva York, 2001; Current Protocols in Molecular Biology, ed. Ausubel et al., Greene Publishing Associates y Wiley-Interscience, Nueva York, 1988 (con actualizaciones periódicas); Short Protocols in Molecular Biology: A Compendium of Methods from Current Protocols in Molecular Biology, 5th ed., vol. 1-2, ed. Ausubel et al., John Wiley y Sons, Inc., 2002; Genome Analysis: A Laboratory Manual, vol. 1-2, ed. Green et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1997. En el presente documento se describen métodos que implican técnicas de biología vegetal y se describen con detalle en tratados de metodología, tales como Methods in Plant Molecular Biology: A Laboratory Course Manual, ed. Maliga et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, Nueva York, 1995. Se describen diversas técnicas que usan PCR, por ejemplo, en Innis et al., PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press, San Diego, 1990 y en Dieffenbach y Dveksler, PCR Primer: A Laboratory Manual, 2ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 2003. Los pares de cebadores de PCR pueden proceder de secuencias conocidas usando programas informáticos diseñados para ese propósito (por ejemplo, Primer, versión 0.5, 1991, Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge, MA). Se analizan métodos de síntesis química de ácidos nucleicos, por ejemplo, en Beaucage y Caruthers (1981) Tetra. Lett. 22:1895-1862 y en Matteucci y Caruthers (1981) J. Am. Chem. Soc. 103:3185.

La presente invención se ilustra adicionalmente mediante los siguientes ejemplos específicos. Los ejemplos se proporcionan únicamente como ilustración y no debe considerarse que limitan, de ningún modo, el ámbito o contenido de la invención.

30 EJEMPLO 1

Perfil de expresión de genes que se expresan preferentemente en el Cábium/Xilema

35 Las etiquetas de secuencia expresada (EST) de *Populus* sp se agruparon usando el programa CAP3 (Huang and Madan (1999) Genome Res. 9:868-877). Dichas EST se obtuvieron de bibliotecas que representaban los siguientes tejidos: brote apical, corteza, cámbium, semilla, xilema, hoja y raíz. El conjunto de grupos así generados se investigó para los grupos compuestos por al menos el 90 % de las EST de bibliotecas que representaban tejidos de xilema y cámbium de *Populus*. Se seleccionaron 12 grupos basándose en su nivel de expresión alto y preferido en el cámbium y/o xilema de *Populus*. Después, se realizó una búsqueda con BLASTX frente a la base de datos del GenBank no redundante con cada uno de los doce grupos, y se llegó a la conclusión de que representaban secuencias expresadas de los siguientes genes: sacarosa sintasa (SuSy), alfatubulina (TUB), proteína arabinogalactánica (ARAB), ácido cafeico 3-O-metiltransferasa (COMT), cinamil alcohol deshidrogenasa (CAD), cinamato 4-hidroxilasa (C4H), cinamoil CoA reductasa (CCR), ferulato-5-hidroxilasa (F5H), sinapil alcohol deshidrogenasa (SAD), UDP-D-glucuronato carboxi-liasa (UDP), proteína de transferencia de lípidos (LTP) y ag-13 (AG13). Las Figuras 2 y 3 muestran el perfil de expresión en diversos tejidos de *Populus* para cada uno de los grupos que representan los genes cuyos promotores se desvelan en el presente documento. La serie de histogramas en las Figuras 2 y 3 representan finalmente la abundancia relativa de cada gen en genotecas de ADNc que representan los tejidos anteriormente mencionados (brote apical, corteza; cámbium, semilla, xilema, hoja y raíz). Por tanto, los histogramas componen un conjunto de datos de expresión digitales que es una aproximación del nivel de expresión relativa de los doce genes cuyos promotores se desvelan en el presente documento.

EJEMPLO 2

55 Aislamiento de secuencias promotoras

Se realizó BLASTN para cada uno de los doce grupos frente a las secuencias genómicas de *Populus trichocarpa* disponibles en el Joint Genome Institute US Department of Energy como parte del "Proyecto de Secuenciación del Genoma de *Populus*" (<http://genome.jgi-psf.org/poplar0/poplar0.info.html>). Las regiones de nucleótidos seleccionadas de cada grupo, correspondientes a supuestos exones, se usaron como secuencias conductoras en la recuperación de lecturas de secuencia genómica que comprendían la región de inicio de la transcripción y secuencias promotoras aguas arriba adyacentes. Estas lecturas genómicas se ensamblaron usando el programa PHRAP (Gordon et al. (1998) Genome Res. 8:195-202) para obtener un cóntigo que incluía aproximadamente de 700 a 3.500 nucleótidos de la supuesta región promotora aguas arriba desde el punto de inicio de la transcripción (+1 nucleótido, que correspondía al inicio del ARNm respectivo). Se llegó a la conclusión de que estos cóntigos, que contenían las regiones promotoras de cada uno de los genes que codifican los ARNm representados por los doce

grupos, se expresaban preferentemente en los tejidos del cámbium y/o xilema de *Populus*. Estas doce regiones promotoras corresponden a las secuencias desveladas en el presente documento como SEQ ID NOS: 1-12.

Para el aislamiento de regiones promotoras específicas, se diseñaron pares de promotores específicos de genes (normalmente de una longitud de 30 nt) de las secuencias de los cóntigos promotores descritos anteriormente, para ampliar por PCR un fragmento de 700 a 3.500 nucleótidos desde la región promotora de cada uno de los doce genes cuyas secuencias promotoras se desvelan en el presente documento. La primera ronda de PCR se realizó sobre una muestra de ADN genómico de *Populus deltoides* o *P. trichocarpa*, que se preparó de hojas usando el método de extracción del bromuro de cetil-trimetil amonio (CTAB) (Aldrich y Cullis (1993) Plant Mol. Biol. Report. 11:128-141). Los cebadores se diseñaron para amplificar la región aguas arriba de la región codificante, es decir, la región no traducida 5' y la región promotora del gen seleccionado. A continuación se ofrecen las secuencias de los cebadores usados para cada promotor:

sacarosa sintasa (SuSy)

5'- GCCATAGCTCCTTAAGAGAAACAGAAAGCAA -3' (SEQ ID NO: 13)
 5'- CAATATAGAATCAATGAACAGCACTAGTTTGC -3' (SEQ ID NO: 14)
 5'- TCATGTCCTATCCAACGGCG - 3' (SEQ ID NO: 15)

alfatubulina (TUB)

5'- CTCATTTTCTCTCAAAGCTCAAAG -3' (SEQ ID NO: 16)
 5'- GACAACCTAGTCTAAAGTTAAACTTAGACC -3' (SEQ ID NO: 17)
 5'- CCCTGGAGGTTGGGGTGAGT - 3' (SEQ ID NO: 18)

proteína arabinogalactánica (ARAB)

5'- GCGTTCATCTACAAAACCCCTCCTCC -3' (SEQ ID NO: 19)
 5'- TTCATCCTTATTTTTTGGGATA -3' (SEQ ID NO: 20)
 5'- CAAAGGATCATGGAGTTGGA - 3' (SEQ ID NO: 21)

ácido cafeico 3-O-metiltransferasa (COMT)

5'- TATACTAATATGACCTAATAACTTAGAAGTGTGG -3' (SEQ ID NO: 22)
 5'- CATCTTGATCAAGATTGAATTC -3' (SEQ ID NO: 23)
 5'- CATAATATCAAACTTAAGC - 3' (SEQ ID NO: 24)

cinamil alcohol deshidrogenasa (CAD)

5'- TGAATTGATGACGTAGGAAACATGATAAACATG -3' (SEQ ID NO: 25)
 5'- CATTTTCTTGAAACAATGAGGCTAAGAG -3' (SEQ ID NO: 26)

cinamato 4-hidroxilasa (C4H)

5'- GACATGAGAACTAACGTTGCTTGAATTC -3' (SEQ ID NO: 27)
 5'- CATAATATTGGAAGTGGTTTCTTTGTCAGAAAG -3' (SEQ ID NO: 28)

cinamoil CoA reductasa (CCR)

5'- GCGCTCGGGTTGTCACCATAGTTTC -3' (SEQ ID NO: 29)
 5'- CATGTTGTTATTTAGATAAATGTA -3' (SEQ ID NO: 30)

ferulato-5-hidroxilasa (F5H)

5'- TTCATCAAGCAATAATAATAAGGTGAGGC -3' (SEQ ID NO: 31)
 5'- CATGGATGCAGATTTTTGTGTTTGTG -3' (SEQ ID NO: 32)
 5'- TTCAGTGAACATGCTGCCACAATGAC - 3' (SEQ ID NO: 33)

sinapil alcohol deshidrogenasa (SAD)

5'- AATCGAAACCGATCGATTTGAACTGG -3' (SEQ ID NO: 34)

5'- CATGGTGCTTGCTTCAGATAG -3' (SEQ ID NO: 35)

5 UDP-D-glucuronato-carboxi-liasa (UDP)

5'- GGAAATGTCAACACTTGTGTGACCACAC -3' (SEQ ID NO: 36)

5'- GACATTCTTGCCAATTTCTGAA -3' (SEQ ID NO: 37)

10 proteína de transferencia de lípidos (LTP)

5'- GGAGCCTCCATATTTCTGTATCTC -3' (SEQ ID NO: 38)

5'- CAAGACGATGAAATGAAGAACTGATAGC -3' (SEQ ID NO: 39)

ag-13 (AG13)

5'- GACATTCCTTGACTTAATATGATGCT -3' (SEQ ID NO: 40)

15 5'- GAATTCGCATCCATGCGGTGAGTTCG -3' (SEQ ID NO: 41)

La PCR se realizó usando reactivos disponibles en el comercio y los parámetros de ciclo de 5 minutos a 94 °C seguido de 35 ciclos de 94 °C durante 1 minuto, después una temperatura de hibridación modificada, como se describe más adelante durante un minuto, después 72 °C durante 3 minutos. La temperatura (T) de hibridación se ajustó para cada par de cebadores y varió de 50 °C a 59 °C. Finalmente, las muestras se mantuvieron a 72 °C durante 7 minutos, después a 4 °C hasta análisis posterior. Diez µl de cada uno de los fragmentos de ADN amplificados resultantes se procesaron en un gel de agarosa al 0,8 %, se purificaron usando el kit de Purificación de gel GFX (Amersham), se subclonaron en el vector pGEM-T-Easy (Promega) y después en sitios EcoRI y BglIII del vector pAPROM-ATG. Las secuencias finales se determinaron en los plásmidos resultantes. La Figura 1 ilustra esquemáticamente el casete de expresión pAPROM-ATG que comprende el gen GUS unido operativamente a un promotor desvelado en el presente documento. La Figura 4 ilustra esquemáticamente el vector plasmídico que comprende un gen de interés unido operativamente a un promotor de la invención.

30 EJEMPLO 3

Transformación de plantas de *Arabidopsis*

Usando un protocolo de transformación mediado por *Agrobacterium tumefaciens* (Bechtold et al., (1993) C. R. Acad. Sci. Paris 316:1194-1199; Bent et al., (1986) Mol. Gen. Genet. 204:383-396) se transformaron plantas de *Arabidopsis thaliana Columbia* con construcciones individuales que contenían uno cualquiera de los promotores de la invención unido operativamente a un gen de interés. Las construcciones también contenían el gen marcador de selección *Bar* que confiere resistencia a análogos de fosfotricina herbicida como glufosinato de amonio (Thompson et al. (1987) EMBO J. 9:2519-2523). En este ejemplo, el gen de interés unido operativamente a los promotores preferidos de cámbium/xilema de la invención es el gen indicador GUS que codifica la enzima beta-glucuronidasa (GUS) (Jefferson (1987) Plant Mol. Biol. Rep. 5: 387-405) que posibilita la inspección visual del fenotipo deseable, es decir, la expresión de GUS de una manera preferida de cámbium/xilema.

Se sembraron semillas de *Arabidopsis thaliana* ecotipo Columbia en macetas que contenían vermiculita. Las plantas se cultivaron en un régimen de oscuridad/luz de 16/8 horas a 22 °C. Después de 4-5 semanas, las plantas se transformaron con la cepa GV3101 de *Agrobacterium tumefaciens de acuerdo con* Bent et al., (1986) Mol. Gen. Genet. 204:383-396; que lleva el vector plasmídico que comprende el gen de interés unido operativamente a cada uno de los promotores descritos en el presente documento.

Para la transformación de la planta, 1 litro de medio LB que contenía rifampicina, gentamicina y kanamicina se inoculó con una alícuota de cultivo iniciador de *Agrobacterium* durante una noche. Después, el cultivo se dejó crecer durante una noche a 28 °C en un agitador rotativo, hasta que la DO600 fue $\geq 8,0$. La *Agrobacterium* se precipitó por centrifugación y el sedimento bacteriano se resuspendió en ~300 ml de sacarosa al 5 % y Silwet L-77 al 0,03 %. Esta suspensión de *Agrobacterium* se pulverizó sobre las plantas. Las macetas se colocaron en una bandeja que se cubrió con una envoltura de plástico para mantener la humedad y las plantas se dejaron crecer bajo el régimen anterior para madurar y asentar las semillas.

Las semillas se recogieron y la superficie se esterilizó con una solución que contenía lejía 50 % y Tritón X-100 al 0,02 % durante 7 minutos. Después, las semillas se lavaron 3 veces con agua destilada estéril y se sembraron en placas en medio MS que contenía 6 mg/l de Finale como agente de selección. Después de 5 a 7 días, los

transformantes eran visibles como plantas verdes. Las plantas transformadas se transfirieron sobre nuevas placas de selección y después de 6-10 días se transfirieron a macetas que contenían vermiculita y se cultivaron en condiciones de 16 horas de luz/ 8 horas de oscuridad a 22 °C.

5 EJEMPLO 4

Ensayo de expresión de GUS en plantas de *Arabidopsis*

10 Tallos con inflorescencias de las plantas transformadas descritas en el Ejemplo 3 se cortaron y se tiñeron histológicamente para determinar la actividad GUS. Esquejes posteriores indujeron la formación de xilema secundario en la base de plantas que también pudieron teñirse histológicamente para determinar la actividad GUS.

15 En las Figuras 5A y 5B, se muestra la actividad de la beta-glucuronidasa en tallos en floración de plantas transgénicas de *Arabidopsis*. Estas plantas transgénicas de *Arabidopsis* se transformaron con una construcción que contenía el gen GUS unido operativamente a promotores preferidos de cámbium/xilema descritos en el presente documento, en concreto TUB (SEQ ID.:2) (A) y C4H (SEQ ID NO.:6) (B). Bandas más oscuras a lo largo del eje longitudinal del tallo (cabezas de flecha) representan haces vasculares primarios teñidos de azul después del ensayo cromogénico, indicando la funcionalidad y especificidad tisular del promotor respectivo en cada una de las líneas transgénicas.

20 La siguiente tabla resume datos del ensayo GUS obtenidos mediante el análisis de esquejes de tallos con inflorescencias de plantas de *Arabidopsis thaliana* transformadas con construcciones de expresión de acuerdo con el EJEMPLO 2 que comprendían el gen GUS bajo el control de secuencias promotoras desveladas en el presente documento. Para todos los promotores ensayados, se observó un patrón de expresión de GUS vascular. En algunos casos, la actividad de GUS fue notablemente alta en tipos específicos de células vasculares, tales como elementos de los vasos, como por ejemplo en plantas transformadas con construcciones que compendian los promotores LTP (SEQ ID NO.:11), C4H (SEQ ID NO.:6) o TUB (SEQ ID NO.:2). En otros casos, se observó un patrón vascular pero no pudo señalarse ningún tipo específico de célula como el sitio principal de expresión GUS.

Promotor	Número de eventos analizados	Total de eventos positivos a GUS	Patrón de expresión		
			Solo elementos de los vasos	Elementos de los vasos + otros tipos de células vasculares	Tipos de células no vasculares
SUSY	92	21	1	17	3
LTP	75	38	19	14	5
C4H	89	43	14	28	1
TUB	78	20	9	10	1
COMT	72	24	2	15	7
CAD	79	37	8	16	13
SAD	75	30	4	13	13
UDP	72	20	4	14	2
CCR	74	22	4	14	4

30 Otros aspectos de la invención serán obvios para los expertos en la materia y no es necesario que se repitan en este documento.

35 LISTADO DE SECUENCIAS

<110> PAPES, Fabio
GERHARDT, Isabel Rodrigues
ARRUDA, Paulo

40 <120> PROMOTORES PREFERIDOS DEL CÁMBIUM/XILEMA Y USOS DE LOS MISMOS
<130> 39125P EP-WO

<140>

<141>

<150> US 60/560.227

<151> 06-04-2004

5

<150> 05 714 408.1

<151> 28-03-2005

<160> 41

10

<170> PatentIn versión 3.2

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 1

15

<211> LONGITUD: 3035

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

20

<222> LOCALIZACIÓN: (1)...(3035)

<223> OTRA INFORMACIÓN: Promotor de sacarosa sintasa (SUSY)

<400> SECUENCIA: 1

```

tcatgtccta tccaacggcg atgcaaactt cgctgtcccg cactttttca taggacgagg tgaagtttag
70
ctatatatct ttttttttta atttaaattg ttaattcttt atatttttat attcttttaa ttttatattt
140
ttatattatt ttgatatatt acatcaagaa taaattttta aaaaataatt tttaaaattt acttaaccac
210
gcaatacata aaaaataata gaaccacca acctaagaat acttgtcaat gcatagaagt acacctgcta
280
gttcttaaaa ccaacaaaag gaagcaaagt agatctctga gtcaaaaacc agaggaaacc atagaaacac
350
ataataataa taataataat aataataata aaattaattt aacttggtgt aataataaaa ttaatttaat
420
tacaagagt gtaactcaac tagtcatggt ctaaatttat tctctagaga ttactagttt gagttttaca
490
aattttaagg ccaactgaaga tttatatagt cattaatttc agaatatata agattagttg agttacgtat
560
aaattgatta aaaaatcata ttaataaaaa taaaaaaatt aatttaagg ttaagaaat caaattaaga
630
gaaaagagtg gtgttttatt tttcatcgtg ccctctctca acagacaagt agaagatga gagagagagg
700
gtaaagaaat ggatttatga gaacattgac cacagggaaa gagagaagcg gttttgtgaa aggaacaatg
770
aaaccacagg aaggtaaagc ggtaatgata tatttcacga atactaaaac tagaacaaca agttttttaa
840
tcaaattaaa ccacgagtgc aaggcogtct tctctgtgta taaaagggtc cttcttcttt ctcatttccc
910
attctcatct gcaaacttct cttttgcaat ctttcttctt tgcgttctgt gtgttcggtg tgatttgtgt
980
tcattcttct tgtctattag cttgtccccc cgtccgactg ctttctgtat ttattctggc attaagctta
1050
aggtaaagat ccctcaacta tccaagcaa tttattctgt ttttatgtga tcttgagggg tcttctcttt
1120

```

25

ggatgogctt tttatttttt cttcctcctt cttcctgctc cttcttaoct tgtatctgat ccccagacg
 1190
 aaaatgtttt ttgttttttt aattagctca acaaatcaaa aacattcaca taataacaca gctogaaaga
 1260
 aatctgatac agttttaatc tgttgtattt taaaaatcat tacagttcat gcatgctgat actttaccat
 1330
 gtcataaat taaatcccag catccttttc catagccaaa gaaggatcag cagcatgctg atagtttacc
 1400
 atgtcatgaa attaaatccc agcatccttt tccatagcca aagaaagatc agcagcatgc ttgcttatac
 1470
 aaggctctcg cttgcttatac aaggccactg aaacatcatc atcgtcataa ctatgataga accogctac
 1540
 tgccggcatt gaaaacatca tcactagtgt ctctacatta aaaaacaccc actgtctaat ttctatttt
 1610
 tttactctta aaatgtcttt cggcttgagc tcctogggct ccacggatgg caactgctgt attatatata
 1680
 tatatatata tatatatata tatatatata tatatatata tatatatata tatatttccc tgttggtac
 1750
 atagacctgt taataccgta taaatagata atattaatat atagaattca tgtatcttcc cgagattaag
 1820
 cgatgccgta taaataatat taatatcttt gaatcagtat gtatattaat taaaattaat tttttcaaa
 1890
 gtaattttaa gagcgcattt tcaacatcca tttagttttt ttttaataat aaatctctct ttgcattaat
 1960
 cctaactggt gaacttagta aattaaaaaa aggaaaatac ctttttcacc aatatagaat caatgaacag
 2030
 cactagtttg cttgaaataa aaataaaaaat aaaatctaata aagacatttc gaaatcatcc ttatccgcaa
 2100
 atcactacat tagtatagta tcttgaaaga taagcaagga tcatgcaagt ttataataat taaacttaaa
 2170
 acgtactatg acgtgtgcat cattcattca ttctgcatga aactctccac aagtctagcc tttgcatcat
 2240
 tcattctact tcattttatt ttttctctca atggtttoga ttgatttttc tttottagag tctggtcttt
 2310
 tagttcaact ttacatgttt taggctcgta ttttgagaga aaaaaagaa aaaagtatgc agatcatgat
 2380
 tctgcaaaat actgaactag tgttctgatg aattaacatg tagcatgtat aatgctggaa gaactaaaga
 2450
 gcagttgggc tgccatgacc aaaagaaact tcgactgatt ataaatgtca aaacttgggc ccattctttg
 2520
 gtttctgtct gttgttttat gccatggcaa aactctgctt atttttcaac gtccaacgtc aatgggaga
 2590
 ggtttaaatt ctattgttat gtctaaacca cgtggttggt atctatatct gaccogaacat tcaagctttt
 2660
 ggtattccac aagaagggtt ttctctcttc tttcttttca taattgtaat gtgtttaatt tgtttcttgc
 2730
 ccaataatct tctctgcttc aaactaactt taattgctcg atctcttgcg ttattttaga catgtgcaat
 2800
 cacctttcac tgttgaaaaa atggttggtg aggtgaggtg gtaggttttg aagtcttcta gaataatgtg
 2870
 gtttctctgt tgctcttgac ttctcttctg agatcatttc tggctggcta agctatccat accccccgcg
 2940
 ccctacaaat aatattgagt tgttgcctgt ctttaattcct attatctggtt attactccca ctgattgctt
 3010
 tctgtttctc ttaaggagct atggc
 3035

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 2

<211> LONGITUD: 2513

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

<222> LOCALIZACIÓN: (1)...(2513)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de alfa tubulina (TUB)

<400> SECUENCIA: 2

ccctggaggt tggggtgagt gaaataagag ggtaaataat ttttttggga ttaaaccatt caaagtgaat
 70
 tttttaataa aatctcatag gctgattaaa tgaaattcct ttagagtcac catacggtaa atttgatggt
 140
 agtttggtgt tatagtcaa attacttttt aattaaaga tagcaatgct tccagcatgg tggactcgtt
 210
 tttcaaatcg aaagctgctt cttcttcttt gttttttttt tttaatcttg tttttctaatt ttcataaaaa
 280
 ccaatcatta ttctgcaggt caggtagtta aatttgtttag gctaattgat ccagaaacct ccggaaagtc
 350
 aaactcaaat aaactgctga ccttttttatt tattttttatt ttttgaattc taattcgtcg gactatctgg
 420
 tcaagataat ccacctctca tgcgaataact tcttagagtg ccatccatta taccctgtta agttgccggt
 490
 gattgcacat gtttgaccac cctccctccc ctaattttca cggcggaaag gggcttggtt gggcttggtt
 560
 taaattataa taatagtgat gatttaaagt attttttatt taaaaatata ttaaaataat ttttttatt
 630
 ttttaaaaat tatttttaac atcaaaacaa catgaaaaca taaaaaatt gttttcattc tttttaaaaa
 700
 tatttttttt ctatttttat tcaatattat tatatagttt tcttattttt atttttctat taagtattat
 770
 taggtttttc tgtttttttt ttttaattta aggaaataat tttttttcta ttcaatatta ttagaaattt
 840
 ctaatttttt ctatataaag gatttttaaaa ttgtaataac attttgacaa gaaatttaat gaataaaaat
 910
 taaatttct agatctctct tcacagttat gacattcttg gttttaattt ataataaatc gcattatcat
 980
 taacctcgg ctaaattatc tatttattta tgaccatgga aacacaagtg cgtgtgtatt tggggaggtg
 1050
 tgggttttaa gcctgcaata taattgaaga aaaaattta gaatttttcc gcgttgatga aacctgatt
 1120
 gaaggttgga gcatgcctca ataggcagac gggcgaaact tagaaaccag gaataaacgt gaaacacggg
 1190
 attcacacga atttggaat ccacgcttgt aaagaaaacc aaaccgcata attttatttc ctatttggtt
 1260
 tccgctcttg tttttaaaaa atttaaattt tattttattt tttttcttt aaattaatat tttttgata
 1330
 attttagatc attttaatat gctgatatca aaaataaatt ttaaaaaata aaaaaaatat attattttaa
 1400
 tatatttcta aataaaaaac acttcaaaaa acaattataa ccatattttc aaacaagtac tattaaaaa
 1470
 gtgatggaca agagaaatca aggggtcggc gatgctctc agcaatagtg aatgacaact agtctaaagt
 1540
 taaaacttag acctcctcgc gtaaatttta tatttatatt tttaatatta atacattaaa ataattaaa
 1610
 aataatttaa aatcattaa ttcatacaaa atttttaag catattaaa agagaataaa cggcaaaaac
 1680
 aaacctacgc taatttgtaa ataaaagatt aatctatgca cacggtatcg ttttacttca ctggctcgtg
 1750
 taataatttc tctaacctta tgaccaaca attcactatt ttgaaacct tgttattatt tttttatca
 1820
 accattttct taatctccat ttcactcatt ccagttgcct ggacagtgga catggtggcg gtgcctcttg
 1890
 atcttttcta gttgggccc atgaatacac ttcaagggat ttgaaactag gcctaatacga ttgaaacgta
 1960
 gaatccactc tctaattgag aggaaggccc acctcctgg gcgacgtgcc ctctcatoca ccaggaccac
 2030
 cgccatcatg cttctctgc tcttctctca cgcctccaa cagaatgaca ttattagcct ccatcccaac
 2100
 tatagaccgg cagtggcaca actgcaattt cctacaacct aagacgatcc ccaaaaactaa attcaaaaat

ES 2 584 383 T3

2170
caaaatggag cgggcaacta accatgggta aaataacgat tggccaacc tggcaaaatc aagaattagg
2240
tggcttggga aacggcatca ttggcatgca octaatttga cccgtgggta aactaacctt ggtagctaa
2310
accacacact ccctccgtcc cctaatttct ctccctctga aagtatataa acccactact cacagaccta
2380
aaagctcacc cctgaaattt catagggcgc ttgataaacg ccaccctccc tcagcatcaa ttccaattgt
2450
ctttgcttcc gattttctct tcttttaata tctgttgatc tttgtgcttt gagagaaaat gag
2513

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
<210> SEQ ID NO 3
5 <211> LONGITUD: 2041
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Populus* sp.
<220> RASGO:
<221> NOMBRE/CLAVE: promotor
10 <222> LOCALIZACIÓN: (1)...(2041)
<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de la proteína arabinogalactánica (ARAB)

<400> SECUENCIA: 3

ES 2 584 383 T3

caaaggatca tggagttgga atccccacca tccctatfff atttgataaa aattaagcac cagggtggta
 70
 gggatctatg caagttccaa gttcaaagga cttttcactg gaagtgatat gtcagagaat aatatataaa
 140
 ttatttcttg gaatctcacc aatocctatt tatttgataa aaattaagta caaggtagtg cgaaacctgt
 210
 acaagtttta agcctaaag gctttcactt gaagaggtgt gttagagaat aatataaatc atatcttaga
 280
 accttaccta acatcttaag ctattgagat gagatgattc tttgacatgg tatcagaact ttaatgacca
 350
 aacagtcatg agtttgaatc tcaccatccc tatttatttg ataaaaatta agcacaagat agtgtgggca
 420
 tgtgcaagtt tcaagcttaa ttgactttta cttgaggggt gtgtgttaga gaatgatata aatcatatct
 490
 tggaatotta cctaataact taagttattg gattgagatg attatttgac gatcagagaa gacaaagcat
 560
 gcattaagga gggtagagag aaaggaaaag gaggttgacg gacaatggtg aaagcaaata tttcattaca
 630
 agtttttgaa gtggttgaa tcaaaatggt gttctcttta atctgtaaga ttatatatgg ttctgctgac
 700
 aacatttgaa tgcgaggctg aacataatgc aaaagagtag aaaatgctaa ttatcaagaa atcaggcttc
 770
 tgaacacagaa ctaccttac taggttatct cttgaacttc tactaaactt aatgtgaaca aatctgctgt
 840
 attgctctca cacaggaacc ttttaagttt cctcagaatg aatttttctc tagtttaagc aatcccacat
 910
 caggttaagt tctttctcc tgtttcaaaa ctgctggtgt tgataattag agaaaagaga gtggttagaga
 980
 gcataggatt gttacttta gcttgaggaa gtggattcca atcagtaaaa ttgtogaggt tatatcacia
 1050
 ttttcataaa ctgaatgtga cagacgactg ccagaaaaac ccttctatga tttgctgcat tatggaggaa
 1120
 aatcatggtt ttggtggaag catgatccat tcatcctagt acgtttaaca tgaataaaaag gcttgagctc
 1190
 tagtacagaa tcccttgcct caactccctt catccttctt cctccgctt catctacaaa accctcctcc
 1260
 accgcctttt ctttcatcct ctccatgaat aaaagactat tatgccattc aacatcatgt aaaagaacac
 1330
 aattcctttt acttcgaaat ggctatctta aagtttcaag acttgcgttt gcatactgca aatcacttt
 1400
 tatcaatagc atgacctta cgggctcatg tacataaggt aagtgtttct tcatgaagtt gtggttaagt
 1470
 atggtctggt gtgagatttg atttctgagc gtgcgaatct agaaaattag tgatctatca atgtctgtca
 1540
 aggattaagg atgtaaatat tcgttctttt aagctaaaag agcaaagact tggctattta cgatacaaag
 1610
 gtcagtttag atcgcttgtc taaatcttct gtcattatag atgatttgtt ttgatgttaa gaagcatgct
 1680
 cagctgttct gctagtgatg attcacaatc atggacatct ttatttgttg tcacagccac ttgaaatcta
 1750
 ccttttagaa cctttttttt ttgcoctgctt ttccaaggaa agtagttgct gcagcattgt taaatttccc
 1820
 tctocattga tgacctaca gcttttgag tgagataagg tactagcaat ctagttgtat aactaaaatt
 1890
 gtatattgca cctaacttga tctctgtcc actactataa aaacctcact ctatctcctc tttacacatc
 1960
 aaacacttta tgattgaaat caatttgcac tagtatattt gaattgtttc gagcatttta tccccaaaa
 2030
 ataaggatga a
 2041

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 4

ES 2 584 383 T3

<211> LONGITUD: 2422
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO: *Populus* sp.
 <220> RASGO:
 <221> NOMBRE/CLAVE: promotor
 <222> LOCALIZACIÓN: (1)...(2422)
 <223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de ácido cafeico 3-O-metiltransferasa (COMT)
 <400> SECUENCIA: 4

5

10

```

cataatatca aaacttaagc agatcaaatt gaaatatatt tgtaattttt atataaatta gcaactgatat
70
gtcaaaataa agacttcaaa ttcaaaaactt aagtagacca aactgaaata tatttgtaat tcctatagaa
140
atcaacattg gtataccaaa ataaagagtt tagatttctg atctagcctg cagcagcaga gtaaaacaaa
210
aataaagtct gaataggaat cacgaaataa aatgaaatga agaattgcaa aatcataatt aatgaagtc
280
tgaagtttca aaatcctgac caggtataaa attaagatgc aaaaaacaaa atcttatcag aactaaagtt
350
agataatcga aagtaaagta gaatctagat ttaattaatg tattggaggg gaacaattgt tcatattcga
420
tcaaggaaat taacacctaa ttaaataaaa aggctcgaag atgagaagga cgggtgatgg atgggtcaaaa
490
aacgaagcag cagaagagaa tggtcggtgg tgcacagtca tgtaaatgt ccaaattaa aacaaaaaaaa
560
aggtttaatt atgaaaatat ttcattotta acgaatatat caaactgcca aacccccccac cggttccatt
630
tatatgggag gagtgattga tatttttatt aaactcaatt tatttataat ttaattttaa atctgattga
700
tgtcttataa taaattttta aaaaatatat agataaaggt tgatctagtc aattcaagag tcaataatga
770
ttttatcaaa atttaattta atttttttta aaacaaaaca taattccaaa acaatgttgt ttggattttt
840
tttttaaaaa aaaacataat ccacccatgt cattaattta ccaaactcct aacacaatca tgtttaataa
910
cccttcaatt ttcaaaaata atttcagttc ttatatattt ttttatttgc aaattagtcc ttgtttgaat
980
tttcttttta gttcttatac tttacaaaaa ttatagttta tttttttatt gtgattcttt ttattataat
1050
taaggtcctt acatgctttt ttttttatgt aatgcttttt aatgtaataa atcattctga ttgtaatcat
1120
caattatata attattttga caattacata attaaatata gaaatataat aaattattac gttacatgat
  
```

1190
ctattactaa gtaccecaagt ctctacgtca atgttcaatt ttcagcaggt ggttctgta gaatgtccca
1260
tccaaaatat ggattcattg atacgatttt taagtccaaa caaccctcat attaagcaaa accctcatat
1330
taagcaaaag attattatta ttattattat tattattatt tattattatt attattgttt ttgttgttgt
1400
gcttcttctt tttctcaatc aacaaaattt ttaccaactt caagattttt ttttttatgg ttaaaggtat
1470
actaatatga cctaataact tagaagtgtg gattatagat aaaattagca attcgtgcta tatagtgggt
1540
tggatattta tttatataaa aaaattatat atataagttt ttttttatgc atacttgtac aaaaaaaaa
1610
tataaataca aatcaaatat ttattcaatc aaatgataat agaaccagat atatatgaaa ttgattaana
1680
aaaatatatc atgttaggtc aacatattag aaatactata caaaaataaa tatttatatg tatataacac
1750
atacaaagat tttctatagc gtgtgtttat tcagtgtggt tcatttatat taactttaaa atcattagtt
1820
ttataggatg taaatttatc ttttattaat tttaaatgtg ttcaataaat acaatcgggt gaatgtatca
1890
ttatgtgatt gaatatctta atctgcattt atctcttaat ttttccagtt ttttttttgt tattgttaat
1960
gaattttttt ttatttatat aaatgattat tgattttatt aattagatgc tttatacttt aattttttat
2030
atataaaaaa acatattaaa acaatctata tacctgatat ttttattttt aaaaattata acccatgata
2100
aagaagtttt ataaacctac ctgcttgaca tattacatca tgttccaata gtctcccctg aaacaggtta
2170
aaaaaaaaaa agtttgcaa ataagacgag gaaaaatata tagaaaaaa ggtagggagt cagttctagg
2240
aagaagacat ttgtgcatca agtagagagg agggaccaac cacaaggtgg ttgagcactt caocatatat
2310
agcaccactt tgcaacctct ttttcagtat tctcatatcc tcttcacttc ttttcttttc accttcttca
2380
accttttgtt tccttaaga attcaatctt gatcaagatg gg
2422

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 5

5 <211> LONGITUD: 793

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

10 <222> LOCALIZACIÓN: (1)...(793)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de cinamil alcohol deshidrogenasa (CAD)

<400> SECUENCIA: 5

ES 2 584 383 T3

ttgaattgat gacgtaggaa acatgataaa catgtaatct aaatatatct catgtctagg tcatgggttt
70
cacgtattag tccagcttta tccaaaataa tttttttatt tgttattatt gttaccttat tttttcatca
140
tattattaaa ttaattaaaa tttaatcaaa acattaatth tttcttactt ttttttaaaa tataatcttc
210
tcttaaatth cttttttcat gtttaaaaaa atttcagtcg acggcacaac aatccagtaa ataccaaggg
280
tatattgtog ccaactacca ccaactacgt caattaagca aataatataa ttaggcaact gtgtaaccac
350
catggaaatt aagatattcc tttcatgaaa tacttaatta gtgacgtata catgatgctc caaacctcat
420
cacagattca gtgttcttaa ctattatgth cccctttgth tccaagaac catgagthaa tcaggacct
490
cgatactact gagggccccc caatgthttg atcatgtgga caatgthcac ttgattthca actthgaaga

560
aatgacccat ggttgthgaa gcagaggatg gcgccactcc atcacatthc aactaccacc acccgthaaa
630
tatgctggagc tctccttgthc ttttttgthg ccaagthaac tthgcccattc thtattgthc thtthgthath
700
atactcatcc atagthgctt athaattcttc aactctccac agaaactcca taggtctctc thagctcat
770
tgthtcaaga aatgthtaga tct
793

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 6

<211> LONGITUD: 984

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

<222> LOCALIZACIÓN: (1)...(984)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de cinamato 4-hidroxilasa (C4H)

<400> SECUENCIA: 6

5

10

ES 2 584 383 T3

tgatatgaga aactaacggt gcttgaattc aagatagaaa ttgaccttgc aagaagacaa acgtattctt
 70
 ggaaacacgt attaataaat acaaagtagt ttgtcacact acgggagaaa atatctaata aaagtaagac
 140
 cttatagttt caggaggtta ggttgatatt taaagagaga tttcttttat taacttttta tatatgttga
 210
 aatcttgaaa ttaatattaa aaagatttgt taatcctttt ctcttgaata ctttggattg atgtgagggg
 280
 ttcacattta aactattctt aaatgaatct tgaagctgta tgtttgatat tgtgttttta aaatgtattt
 350
 atcttttaaaa aatatcaaat taatgatttt ttaatgtttt ttaaagattt gaaagtatta atttaaaaaa
 420
 taaaataaaa ttattttaat atatttttaa ataaaaata tttttgaaga gcagactgca ccctatactt
 490
 gatctcaatt ttaaagagat ttggagaaca caagaattaa aaaagaaaag gataggaaaa aaaaactttc
 560
 ttgtttgata gccttattac ttgaagctga aatcatcata gattagtggc gccacatta catcttgtat
 630
 agaaatatag aaaggcctgg caaattaatt aatatgatga ccatatgaca ttttcggcca ccaaccggcc
 700
 ttacctacta ctatccatga tcatcaatgt cactctccta ccacctcaa tgtaacggcg ttaactcccc
 770
 cccccccaca cacacacaca accctagcta gtagccacac gctccaccac ctaacgtgtg aaattcaact
 840
 tcatttcctc tctaattttt gtagettata aaaccaagc tctcctcgtc ctggttctcc catccaacaa
 910
 ccatcactct tcttacctca aaaatcccca cctctttctg acaaagaaac cagttccaat attatggtag
 980
 atct
 984

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 7

5 <211> LONGITUD: 1007

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

10 <222> LOCALIZACIÓN: (1)..(1007)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de cinamoil CoA reductasa (CCR)

<400> SECUENCIA: 7

ES 2 584 383 T3

tgcgctcggg ttgtcaccat agtttcattt cttaatttat taagttaaat taagatacaa taagttggtc
 70
 acgttttaaa gcaaagagaa acaggaaatg ggtaaaaagc aacataaatt ctctttcaca tttttttgtc
 140
 accaggttct ttgttggctc aggagtatta attaattaat gotttgacat tgatttattc gttaattctt
 210
 ttaaaacact gaattaaatc caatccacac acaaaatgaa atgggggtag gtgatgtggg tgattatttt
 280
 ttattcgggt tgatttttat taaaaaaaaat aaccaaactg aattattata tttttaaaaa aactaaaacc
 350
 ggttcaaacc ggtcgggttc aattcgggtt ttaggacaa caaccgggtc aaaccacttt ggctcgggtt
 420
 aggtttgatt cggttcgatt tttttgattt taggtttata aaacggaaat tgaactgaac cggttaattt
 490
 ttaaaaaatt ttaaatttaa ttttttaatt attttctttt taattttttg attttatcag tttttcaaat
 560
 ttttttttca cttaagagag gccatgggtc tcatgtacct tcaaagaaga gagagaaata gcaaagcaca
 630
 tggtgacggt gtggtgacga ttcacattac aaagacccat actcctactt cacaaacctt aataataata
 700
 ataataataa taataataat aatagtaata agagaaaaaa ctagaaaaac aaaaacaaag agagaagaat
 770
 ctctttctct tctctcagag gcgaatattt accagtagta ggtgaggatg gtaacttota accttataaa
 840
 tacatccact ccaccatgtc tttccttgta acatccactt ttcaagcaa gataagaaga aaagacatct
 910
 cctctctctt ttctctctgt ctggttctcca ctttcccagt caccaaactc gtatacatat aattacattt
 980
 atctaaatat aacaacatgg tagatct
 1007

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 8

5 <211> LONGITUD: 2081

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

10 <222> LOCALIZACIÓN: (1)..(2081)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de ferulato-5-hidroxilasa (F5H)

<400> SECUENCIA: 8

ttcagtgaac atgctgccac aatgacatat atatcatcac aaattaatta atgtctactt taatgctgat
 70
 atatcttttg tttattatth tttttcctat catgggaaat gagatcaact ttttcagatg aaaattacta
 140
 attaaactat catatttcca gtttaatcaa agatatggaa tctttatttc actaaagata ttattattca
 210
 taagaatttg atgagttctt gcattatttg ttagattatc ttcaccctct tgcaattagt gcttcatgga
 280
 ctoccttttt tcttgtgaaa gtagtttgcc atttaaatat agaaatatct catgctttac aaaatataat
 350
 aatctccoct aagatataat aaattgaaact gagatgcaat taagtccggtt aaaaggcctg gatactgcca
 420
 gtgaataaga tttacacaaa atattggatt ttttcccgtc ctgaaagcta attattgtca gaaaaatagc
 490
 ttttgaaata gttgattttt attgatatgg tggaataaaa acatcaatgg ttccaatgtc taaccacgaa
 560
 aatgacttgt aaaatttata ataaggtcta tttttttcat caagcaataa taataagggtg aggcatacaa
 630
 atctctcact ttttgcttct gatcaaagat cactaagcag aacttgcctg gaacctcctc tctctctctc
 700
 tccccctctc tctctctccc cctctccctc totatatata tatatatata tatatatata tatgcaagta
 770

 ttagtcacat tgcctgagta cgtggcagtt ttggatatgc tttgataacg gataacaccg agagtacaaa
 840
 acaaaaatctg ggttaggtagc tggctcaatt gcaaccaaact aataataaga aatttttagct gcaagcaatt
 910
 aagaaaatga aagattgcac ctatgtcaac cactgggtta atatttatga tottaactct tttttttgt
 980
 ataatttctt ttatatgccc tgaatgaag tcagccctta agttttacat aaatgtttag gtttaattaga
 1050
 aaggagttaa ttctatatat aataagttgt tgattgaaac aaaatatggt ctgtcactct atttttgggt
 1120
 tgctttttat tgcctagtagc ttctgcctta ttgattcagt gaaccctttc gtatttataa tataataaag
 1190
 tagaccttga ataaatattg acatgtaact taaaacatta attgtcctcg ttttgacaac ataaaatctg
 1260
 tatcaacgta cgtgctcttg tttagggttt tctttagaca actttatctc tagaaaacgt aattcaatca
 1330
 aaaaagatat atatatatat atatatatat atatatatat atatatatat atatatagac agacgacata
 1400
 acaaaaatgt tccgggtcaga actctggact actgatcgaa gttgtttcaa atatattgaa tggatatct
 1470
 taccatagta attaaactgag ttatttcaag atattacaca gacataacat attttgttct tgatcaaaat
 1540
 atattttatt taaaaatata ttaaaataat atatttttta tttttaaaaa tatattttta atatcaatac
 1610
 attaaaataa tttaaaatat aaaaatacaa aaatattttt taaccacaaa aaaaaaaaaac tatgaaaatt
 1680
 aatgttctta aatattgttc tccatccaga ttttggtagc tatgctgtcc cagtgtgtac ttgtttatga
 1750
 aagtctactc ttatttttca acttttctca agacattgaa ttagtaaacc aatgttttac gaattggata
 1820
 cgaacottc caaaataata tatatatata tatatatata tatatatata tatatatata tatatatata
 1890
 tatatatata tatatatata aagaggagg gaggggtg gggaggtcac aaaaaacctg tatataaagc
 1960
 cccgtaatat ctttctcagc ttagcaacat ctgaaagttg caattaatca gtggtgtgta ctgtgatgca
 2030
 cacaatacaa tacataccat agacacaaac acaaaaatct gcatccatgg a
 2081

ES 2 584 383 T3

5 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
<210> SEQ ID NO 9
<211> LONGITUD: 995
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Populus* sp.
<220> RASGO:
<221> NOMBRE/CLAVE: promotor
<222> LOCALIZACIÓN: (1)...(995)
10 <223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de sinapil alcohol deshidrogenasa (SAD)

<400> SECUENCIA: 9

taatcgaaac cgatcgattt gaactggttt cttttttttt ttaattttgg ttgggttget tttttttgtc
70
accctaata attatatata ataataaaa taaaattatt taccattatt tgtctgagat tttttttaat
140
agaatgatta aatgatatt gtaaaaaaaaa cctaataata ccatactttt caaataatat tttttactat
210
tattagtgat tggtttgctg tcaaagttgt tttttttttt tttactattc ttaggagttt gtttctttta
280
ccctagtota caggagtttg ttagttacta tcatttcttt aaaaaggaaa ctcatatgga aaaggaaaa
350
ttgattaaat acaaaaaaatt ataaaattac atagagtttt tattttattg aacgattgag ttttaattta
420
acttaataaa atataattaa ttacaggtaa aacaagtact tatcaatcat tataagtata ttataaaca
490

tattaattat gagttcagca aagattttgtg ctgatttctt gtctcttcta aactacatgt gacaagatag
560
aaaaaacatc taaatgctaa tgattcttta atatatgact atgcaagtca tttatcttat ttaaatacat
630
taatttaaat caaacttaat tttaaattat tggattctaa tataattgtg ttttaaaaca cttaggtagc
700
ttccttgttg gacccgaaac tggttcatga actgaaataa tctatgogaa taacgttttc ccacaaaaag
770
aagaacgact tgctttttta gcgacaatca tgcctccttc gacctcaccg atgacaccac ctgtgagtgc
840
tgtttgccag taacatcacc tccttgtccc tatgtgtata tagaaagaca aacttgccaa gcataaaaaa
910
gaagaagaag aagtcatact atatatttcc tgccttctct ctgcagcata tttctctatc tgaagcaagc
980
accatggtag atcta
995

15 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
<210> SEQ ID NO 10
<211> LONGITUD: 1269
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO: *Populus* sp.
20 <220> RASGO:
<221> NOMBRE/CLAVE: promotor
<222> LOCALIZACIÓN: (1)...(1269)
<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de UDP-D-glucuronato carboxi-liasa (UDP)

25 <400> SECUENCIA: 10


```

ggaaatgtca acacttgtgt gaccacaagc acactgtaga cgctacotta cctggccaga ccccgtagcc
70
cagggattac aatttaattt gaatttgata atatcatctc aactaacttg aatgaatatt ctttttttaa
140
cagttgtatt gcttcatgga aaataaatat tgtatatatt aggatattta atttgaata aatattatca
210
aatatgactc aaaaccagt ctaatatatt tatattttga atatgataca atataaacct ttttagtatt
280
aacataatgc atgtgttgaa taaatatttt tttttattaa ataataaata tggattgaat gtcgaaaaga
350
gaaataaata gtgtactcat agttaccca tgtacaagtt gagtacaaca acagatgtag tcaaaataaa
420
agaaaactcg gtctgacgtg tcgttaccat tactgtcatt ggacagtaaa gtctttcgat tgtaacagaa
490
catgttctcc ttctctctgg ccagtaacga ccgcgaatta cgcttctctg aaatttcaat ctaacctga
560
acactatata agtatatgcc ctgtctctca tcatccgctg tccttaaate cttcaaaat actacaacaa
630
aatatTTTTT tccctcaatt tatttcagca gcaaaagtct acgtggtaat taaatctcaa tttccattcg
700
tttttatagg gatttttggg tgtctggaga aaaaaataat ggtcatggga ttgagagatt ttgagattca
770
gatctgaagt ttgtttttaa ttttttcaat aactggggg gtatggtttt tcgttgattt gaagcattgt
840
acatttctgt tttttgaagt ctcatttaat ttatgcgtcc ctcttttct ctctcactag ctgggtgtgt
910
ttgttgggtg gtttattatc atgattagtt gtaaccatc tattttttaa tctaatttgg ttacaatcga
980
gttctttata taaagctgta gtctttgagt ttcattgactc gcagcgaaaa aagtttgaga ttttgactct
1050
atTTTTTc acactcagg tgaactggat ttattatcat gtttttaatt gaaacttgtt ggctggtttg
1120
atTTAaggtt tttgatttgt gggttattta tgaatgtgag gattatgcaa tgttttgttt ctgggttgtt
1190
tttacaattt atggtggatt gatttttttt ttttaatttc atgattttca gaaattggac aagaatgtca
1260

```

gatctgata
1269

5

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 11

<211> LONGITUD: 1025

<212> TIPO: ADN

10

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

<222> LOCALIZACIÓN: (1)...(1025)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de proteína de transferencia de lípidos (LTP)

15

<400> SECUENCIA: 11

gaattcgatt acgatgaaat gaagaactga tagcataatc aatcagaaga ttgataatta ttcaaaataa
70
tttttogaac aatattcaat gcatgatgat tatatgtogg atcaataaat aatcaattta atgtaaaaaa
140
ggggacttta agtaaataat aataataata ataatgaatg ccttagcatc taaaattcgc tattttttaga
210
agaatcacat tocaagcttc atgaacaatc taatgttcaa tgacatttga tattttttaat aattcaagaa
280
tctcaacaat acaagaatca ttggcatcgc aagatatttt ccctaagcaa gctctaaaat ccccgtaaaa
350
aacatccttt aaggtatata tattagttcg aaaataatta tgtgttaatc ttcattgtgca gtggtgagta
420
tttoggccat tcaggcgggt gaccgggat cgttccccag caacggcgtc agttttaatt tttatgtttt
490
cttgaaagtt ttcttaattc ttggcgctgg ctttttgggt ggaaggaacg cgggtgttgcg aaaggtaatg
560
gccactaatt gggcaagata atggcatgtc tgtgttgcgg tagttggctc aaaggggagc tttgtggtgg
630
tggtaatatt ggagtctag tcttctagag accoactgag atggctggat aatgagcttc aagggttaat
700
tttgcgctgt cattaanaatg gtaacatctg gatatatgca atggaatggg atgatatggc acccaaatca
770
ccaacctttg attggactgg aaagaactat aatttacaac actaattttc taaagccaag tgctgcaata
840
atatcaactt gtctctgtt gtagtgctag ccccattttg attagtggac tgggcatcga gttgaggttc
910
atcttgcagt ataaaagctg tccataggag taggagcatt gcattcccat acagcaagaa aatcaatttg
980
ttcatatata tagttgagat acagaaatat ggaggctoca gatct
1025

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:

<210> SEQ ID NO 12

5 <211> LONGITUD: 2341

<212> TIPO: ADN

<213> ORGANISMO: *Populus* sp.

<220> RASGO:

<221> NOMBRE/CLAVE: promotor

10 <222> LOCALIZACIÓN: (1)...(2341)

<223> OTRA INFORMACIÓN: promotor de ag-13 (AG13)

<400> SECUENCIA: 12

gaattcgcat ccatgcggtg agttcgcatt ggtttgatcc aagtggaaca tttccataacc cacaccccca
70
ttagcataac aatcctttat taaaccacta gctagacatg caagattcaa cctacacaca agaaccact
140
agatagactt ccaactggaac catgcagcat tctccogtga tgacctcatt actcagtctt ttctactggg
210
gtttctgttt caacctctc ctctgtttca acaggcttct gttcttctt tctctctct tctttgggg
280
cttcgactgc aacctccgct tcttctgccg gtgcctcacc aggcctgta gtctctttag cctcctcgac

15

350
aacaggctct acgggtatat ccggctcctc ttttgtctcc tcaacaaccg gctctggtgt ttcottaggt
420
gtctcctcct cagttttctc tagtaccggt ggctcttctg cagcgatctt ggtctcttcg agcacttctt
490
tagtttcagc ttcagctggg gcctcggggt ctgggtgccac gggctcctca gatgctgcaa ctttctctgc
560
ttcttttggc tcttcatgag ttactgcctc tgggtctgca gtgaccgctt cttctgtggt ggtctcaacc
630
ttgattggtt gttcattttt ttctctaca agtgcattct gcgctgacac aacctgcagg ataogttatt
700
aaaagaaaag aatgttcacc aaaatgctga tgaggcttta ccatttgta tatatataga gatgaatata
770
cgaattttca aatatgaaca tccacgaatt aaagatcata attaagatgg aggtgttgat cttgatgtac
840
attccatcag cataaaactt atcagagtta tatatataaa tatatttaat gacttgaag aagtaataga
910
tgaaatctgt taaataaact tctcaagagg gagattaaat cattcttagt gaatgagta cctcaacagt
980
ggccattgga actagaagga aaataaagca cagctgggat gcaaaagaaa actgtaagaa gcaaaaaggt
1050
acgttggagt aattatcaca gaagaggatg aagaaattgc tttgagtatt tgatgcagag tactgatgaa
1120
cgaggggtga tttatataga gatgtagggg gctcactcga gcgagggagg gagtgagtga gagaagagag
1190
ctaccgtccg aggaatcttg ggatctgaca ccatagctga tgtcattaaa gaattgttg aagtgaattc
1260
cttttttaga tttttttat ttataaatat attataataa tttttttat ttttaaaat ttattttgat
1330
atatgtatat taaaaagaat aaaaataaaa attaaatttt aacaaatctc catttgggca cacgatttaa
1400
tttgaaaagg ctaaaataat ggaggccatt ttcacttag ccatoactt cttttggtcg cgtgtgctga
1470
tgtgctttgt gcagtcggtc atgtaggtga ttatcatcca ttcattgtct caacttgcca ttogtcatta
1540
acaactcctc cttttttttt cttttttttt taaggataaa tgaattaatt ttttaagaaa ataatgaaaa
1610
taatttgcata aaaattttag aaataaaaaa ttccaacaat gctgggtcac taaaattatt aataatatt
1680
aagaaataaa agcaattgac caaagaact ttcaaaaaa gctatcttta ttttttttt taatatttct
1750
caatatttgc ttgcactata aactagtaact gtgattttct catgttaaat aataataata ataataata
1820
tcacccttaa ccaataggca taatttactt caacaagcg aataaaactc tgacgtggaa atttaagttg
1890
gtcccacgct ctctctcggc cattgottta tcaattatgg tatttcataa aaaatttaat tttttttaa
1960
tagttttaat atattaatat taaaaataat ttttaaaata aaaaatatta ttttaataata tcttttaatt
2030
aaaactactt taataaacia gctatcacat tatcaaagc tatttaaggt cggcggtacc cacgagatgc
2100
agggatagca acattagtgt aggactggat cagctgagct ggagctggtg gacggccatg tccacggatt
2170
tcgtcgctgt cgattacgtg tcaacagttt ttttttatat tattttctt tacttttcca gatggatcca
2240
agcctccaag aacgaaacat tggctacagt ttgaaaactc ttaaaaatgt taagattaat aagattagca
2310
gcatcatatt aagtcaagga atgtcagatc t
2341

<200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
<210> SEQ ID NO 13
<211> LONGITUD: 31
<212> TIPO: ADN
<213> ORGANISMO/FUENTE: sintética

<221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 13
 5? - GCCATAGCTC CTTAAGAGAA ACAGAAAGCA A -3?
 5 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 14
 <211> LONGITUD: 32
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 10 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 14
 5? - CAATATAGAA TCAATGAACA GCACTAGTTT GC -3?
 15 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 15
 <211> LONGITUD: 20
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 20 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 15
 5? - TCATGTCCTA TCCAACGGCG - 3?
 25 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 16
 <211> LONGITUD: 24
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 30 <400> SECUENCIA: 16
 5? - CTCATTTTCT CTCAAAGCTC AAAG -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 17
 <211> LONGITUD: 30
 <212> TIPO: ADN
 35 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 17
 40 5? - GACAAC TAGT CTAAAGTTAA AACTTAGACC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 18
 <211> LONGITUD: 20
 <212> TIPO: ADN
 45 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 18
 50 5? - CCCTGGAGGT TGGGGTGAGT - 3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 19
 <211> LONGITUD: 25
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 55 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 19
 5? - GCGTTCATCT ACAAACCCT CCTCC -3?
 60 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 20
 <211> LONGITUD: 23
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 65 <400> SECUENCIA: 20

5? - TTCATCCTTA TTTTTTGGG ATA -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 21
 <211> LONGITUD: 20
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

5

<400> SECUENCIA: 21
 5? - CAAAGGATCA TGGAGTTGGA - 3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 22
 <211> LONGITUD: 34
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

10

15

<400> SECUENCIA: 22
 5? - TATACTAATA TGACCTAATA ACTTAGAAGT GTGG -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 23
 <211> LONGITUD: 22
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

20

25

<400> SECUENCIA: 23
 5? - CATCTTGATC AAGATTGAAT TC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 24
 <211> LONGITUD: 20
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

30

35

<400> SECUENCIA: 24
 5? - CATAATATCA AAACCTAAGC - 3'
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 25
 <211> LONGITUD: 33
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

40

45

<400> SECUENCIA: 25
 5? - TGAATTGATG ACGTAGGAAA CATGATAAAC ATG -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 26
 <211> LONGITUD: 28
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

50

55

<400> SECUENCIA: 26
 5? - CATTTTCTTG AAACAATGAG GCTAAGAG -3'
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 27
 <211> LONGITUD: 29
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido

60

65

<400> SECUENCIA: 27
 5? - GACATGAGAA ACTAACGTTG CTTGAATTC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 28

<211> LONGITUD: 33
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 5
 <400> SECUENCIA: 28
 5?- CATAATATTG GAACTGGTTT CTTTGTGAGA AAG -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 29
 10 <211> LONGITUD: 25
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 15 <400> SECUENCIA: 29
 5?- GCGCTCGGGT TGTCACCATA GTTTC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 30
 20 <211> LONGITUD: 26
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 25 <400> SECUENCIA: 30
 5?- CATGTTGTTA TATTAGATA AATGTA -3'
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 31
 30 <211> LONGITUD: 29
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 35 <400> SECUENCIA: 31
 5?- TTCATCAAGC AATAATAATA AGGTGAGGC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 32
 40 <211> LONGITUD: 26
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 45 <400> SECUENCIA: 32
 5?- CATGGATGCA GATTTTTGTG TTTGTG -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 33
 50 <211> LONGITUD: 26
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 55 <400> SECUENCIA: 33
 5?- TTCAGTGAAC ATGCTGCCAC AATGAC - 3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 34
 60 <211> LONGITUD: 26
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 65 <400> SECUENCIA: 34
 5?- AATCGAAACC GATCGATTTG AACTGG -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 35
 <211> LONGITUD: 21
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética

<221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 35
 5?- CATGGTGCTT GCTTCAGATA G -3?
 5 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 36
 <211> LONGITUD: 28
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 10 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 36
 5?- GGAAATGTCA ACACTTGTGT GACCACAC -3?
 15 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 37
 <211> LONGITUD: 23
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 20 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 37
 5?- GACATTCTTG TCCAATTTCT GAA -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 38
 25 <211> LONGITUD: 24
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 30 <400> SECUENCIA: 38
 5?- GGAGCCTCCA TATTTCTGTA TCTC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 39
 <211> LONGITUD: 28
 35 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 39
 5?- CAAGACGATG AAATGAAGAA CTGATAGC -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 40
 <211> LONGITUD: 26
 <212> TIPO: ADN
 45 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 40
 5?- GACATTCCTT GACTTAATAT GATGCT -3?
 <200> CARACTERÍSTICAS DE SECUENCIA:
 <210> SEQ ID NO 41
 <211> LONGITUD: 26
 <212> TIPO: ADN
 <213> ORGANISMO/FUENTE: sintética
 55 <221> NOMBRE/CLAVE: cebador/oligonucleótido
 <400> SECUENCIA: 41
 5?- GAATTCGCAT CCATGCGGTG AGTTTCG -3?
 60 25697179.1 1

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una molécula de ácido nucleico aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene la capacidad de iniciar, en una planta, la transcripción de un gen de una manera preferida de tejido de cámbium, en la que dicha molécula de ácido nucleico aislada comprende una secuencia de nucleótidos como se expone en la SEQ ID NO: 10.
2. Un vector de expresión, preferentemente un plásmido, que comprende:
- 10 i) la molécula de ácido nucleico aislada de la reivindicación 1, y
ii) una molécula de ácido nucleico que codifica una proteína de interés,
- en la que (i) y (ii) están en unión operativa, en la que (i) no regula normalmente (ii).
- 15 3. Una célula de planta hospedadora recombinante, en la que dicha célula hospedadora recombinante se transforma o transfecta con y comprende
- i) la molécula de ácido nucleico aislada de la reivindicación 1 y
ii) una molécula de ácido nucleico que codifica una proteína de interés,
- 20 en la que (i) y (ii) están en unión operativa, en la que (i) no regula normalmente (ii).
4. Una célula hospedadora recombinante, en la que dicha célula hospedadora recombinante se transforma o transfecta con y comprende el vector de expresión de la reivindicación 2.
- 25 5. Un método de fabricación de una célula de planta hospedadora recombinante, comprendiendo dicho método transformar o transfectar una célula con el vector de expresión de la reivindicación 2.
6. Un método de fabricación de una proteína codificada por el vector de expresión de la reivindicación 2, que comprende transformar o transfectar una célula con dicho vector de expresión y cultivar dicha célula en condiciones favorables para la expresión de dicha proteína.
- 30 7. Un método de fabricación de una proteína, comprendiendo dicho método cultivar una planta o una parte de planta que comprende una célula hospedadora de planta recombinante de la reivindicación 3, en condiciones que favorezcan la producción de dicha proteína por dicha planta o parte de planta.
- 35 8. El método de la reivindicación 7, en el que dicha planta es una dicotiledónea, una monocotiledónea o una gimnosperma.
- 40 9. El método de la reivindicación 8, en el que dicha planta es *Eucalyptus*, *Populus* o *Pinus*.
10. Una planta o parte de planta que comprende la célula de planta recombinante de la reivindicación 3.
11. La planta de la reivindicación 10, en la que dicha planta es una monocotiledónea, una dicotiledónea o una gimnosperma.
- 45 12. La planta de la reivindicación 11, en la que dicha dicotiledónea es *Eucalyptus*, *Populus* o *Pinus*.
13. La parte de planta de la reivindicación 10, en la que dicha parte de planta es una semilla.
- 50 14. La célula hospedadora recombinante de la reivindicación 3, en la que dicha célula hospedadora recombinante es una célula de polen.
15. El método de la reivindicación 7, en la que dicha parte de planta se selecciona del grupo que consiste en una raíz, un tallo, una hoja, una flor y un fruto.
- 55

FIG. 1.

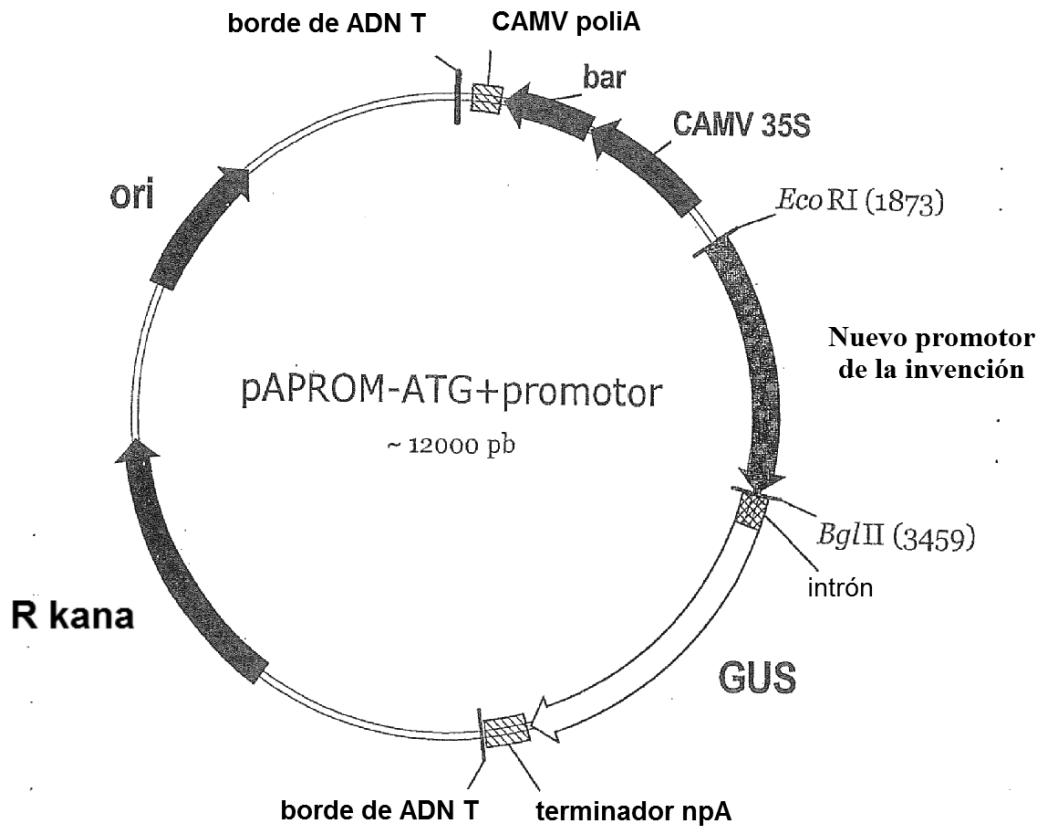


FIG. 2.

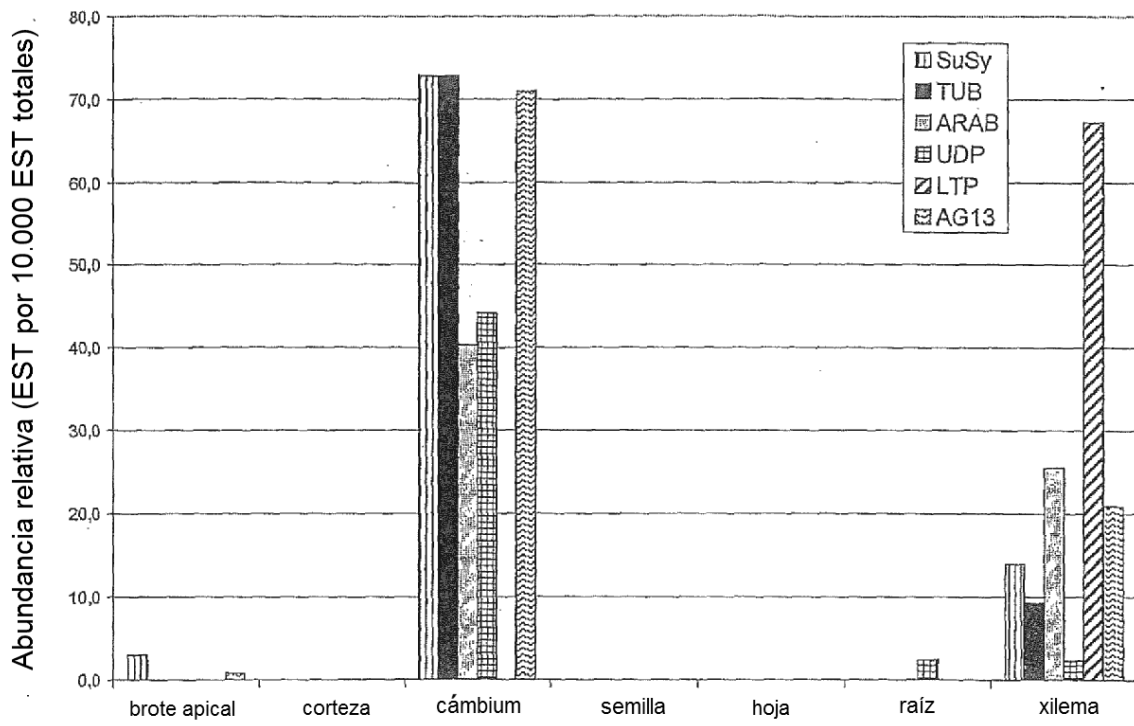


FIG. 3.

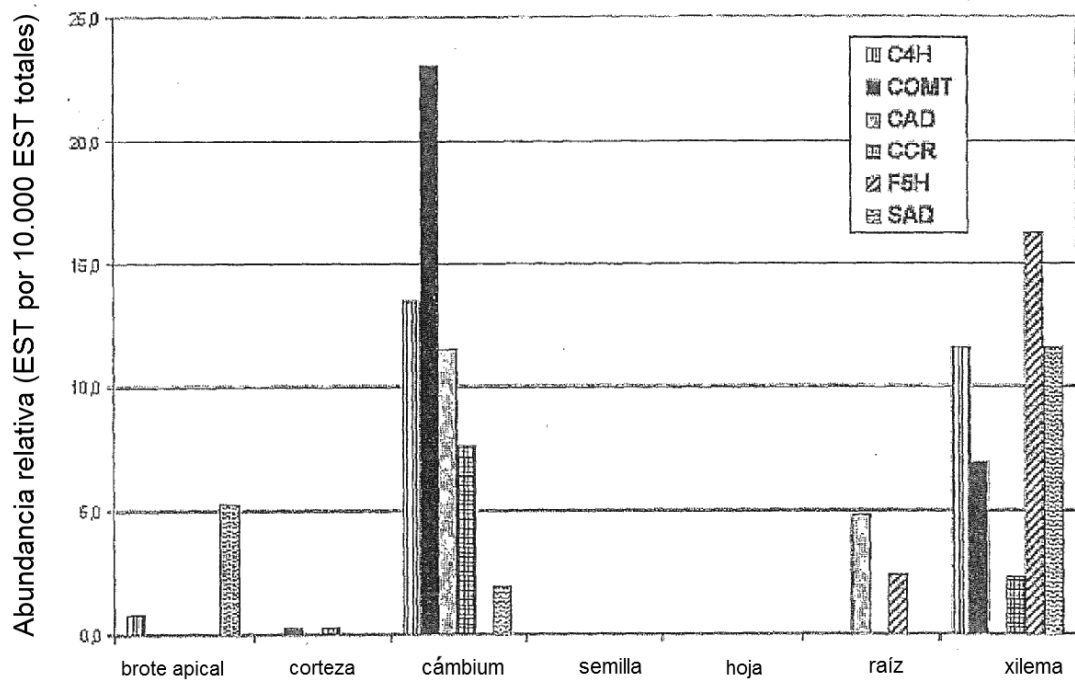


FIG. 4.

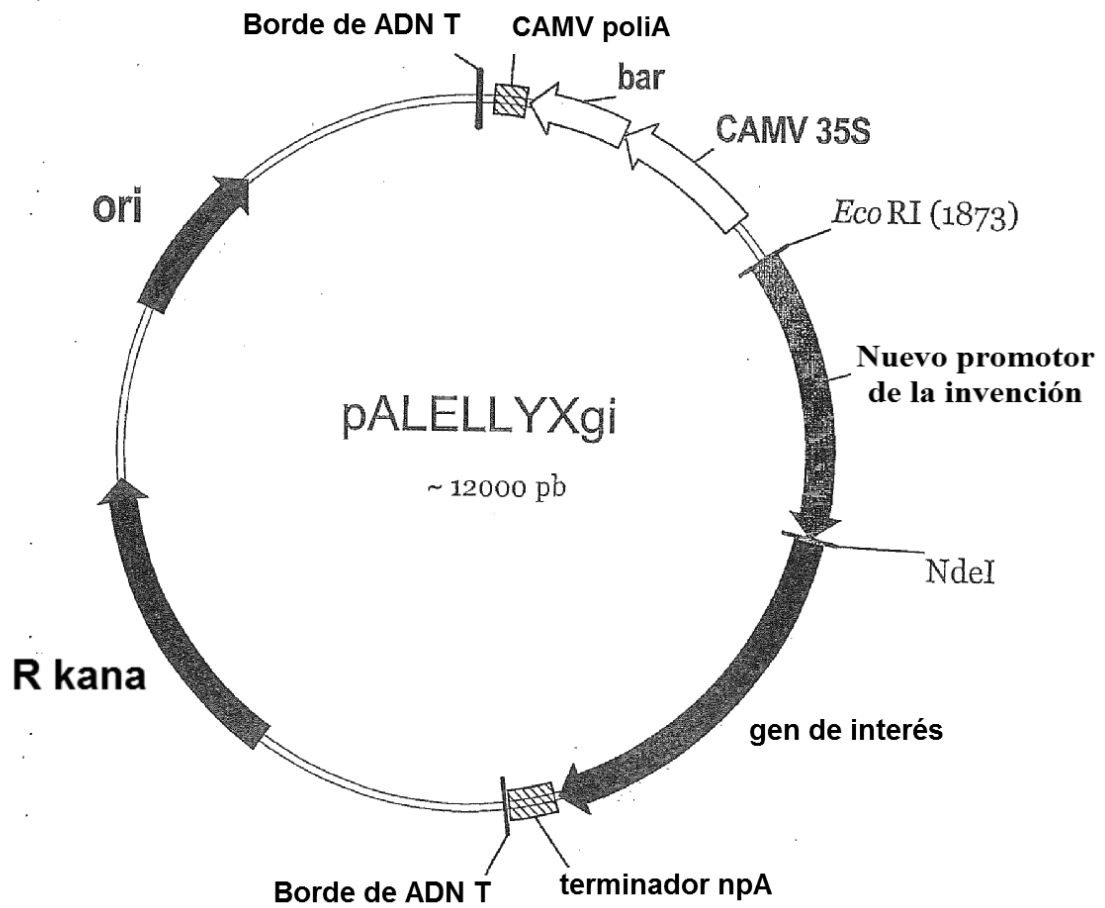


FIG. 5.

