

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 613 455**

51 Int. Cl.:

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **11.05.2011 PCT/EP2011/057589**

87 Fecha y número de publicación internacional: **17.11.2011 WO2011141499**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **11.05.2011 E 11721462 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **12.10.2016 EP 2569329**

54 Título: **Proteínas de fusión fomentadoras del crecimiento**

30 Prioridad:

11.05.2010 US 395398 P
11.05.2010 GB 201007834

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
24.05.2017

73 Titular/es:

VIB VZW (33.3%)
Rijvisschestraat 120
9052 Gent, Zwijnaarde, BE;
UNIVERSITEIT GENT (33.3%) y
REGENTS OF THE UNIVERSITY OF MINNESOTA
(33.3%)

72 Inventor/es:

INZÉ, DIRK, GUSTAAF;
GONZALEZ, NATHALIE;
GRAY, WILLIAM M. y
SPARTZ, ANGELA K.

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

ES 2 613 455 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

Proteínas de fusión fomentadoras del crecimiento

5 La presente invención se refiere a proteínas de fusión de polipéptidos de la familia SAUR que fomentan el crecimiento de las plantas. Más específicamente, se refiere a proteínas de fusión de polipéptidos de la familia SAUR condensadas a un polipéptido heterólogo, condensado en el extremo N-terminal del polipéptido SAUR. Incluso más específicamente, se refiere al uso de dicha proteína de fusión en combinación con otros genes recombinantes para fomentar el crecimiento de las plantas. Dicha combinación de genes puede ser expresada en una planta transgénica para obtener un aditivo o incluso un efecto sinérgico.

10 La demanda de más productos derivados de plantas ha aumentado espectacularmente. En un futuro próximo, el reto para la agricultura será cumplir las crecientes demandas de los piensos y alimentos de manera sostenible. Por otra parte, las plantas comienzan a jugar un papel importante como fuentes de energía. Para hacer frente a estos grandes retos, tendrá que alcanzarse un profundo aumento en el rendimiento de las plantas. La producción de biomasa es un sistema multi-factorial en el que una gran cantidad de procesos se introducen en la actividad de los meristemas que dan lugar a nuevas células, tejidos y órganos. A pesar de que se está realizando una cantidad considerable de investigación en el comportamiento del rendimiento, poco se sabe acerca de las redes moleculares que sustentan el rendimiento (Van Camp, 2005; González et al.2009). Muchos genes se han descrito en *Arabidopsis thaliana* que, cuando mutan o se expresan ectópicamente, dan como resultado la formación de grandes estructuras tales como hojas o raíces. Sin embargo, a pesar de una extensa investigación, el efecto de la sobre-expresión de un gen, y especialmente el efecto de la expresión de combinaciones de genes es impredecible. Todavía existe la necesidad de genes adicionales que puedan ser utilizados para aumentar el rendimiento, especialmente genes que tengan un efecto aditivo o incluso sinérgico con otros genes que fomentan el crecimiento.

15 La familia de pequeños ARN de auxina-up (SAUR) comprende un amplio conjunto de genes, cuyas expresiones responden a la auxina de forma temprana (Franco et al., 1990; Anai et al., 1998; Jain et al., 2006). Sin embargo, la función de estos genes es ampliamente desconocida. Knauss et al. (2002) indican que SAUR2 de *Zea mays* codifica una proteína nuclear de corta vida que podría estar implicada en la elongación celular mediada por auxina. Park et al. (2006) demostraron que SAUR32 de *Arabidopsis* está implicada en el desarrollo del gancho apical. Recientemente, Kant et al. (2009) demostraron que SAUR 39 de *Oryza sativa* actúa como un regulador negativo de la síntesis de auxina y del transporte en el arroz. El documento WO2008061240 describe el uso de SAUR22 de *Arabidopsis thaliana* y otros miembros de la familia SAUR para mejorar la tolerancia al frío; sin embargo, no se muestran datos.

20 Sorprendentemente, los autores de la invención encontraron que la expresión de una proteína de fusión SAUR, pero no la sobre-expresión de SAUR propiamente dicha está fomentando el crecimiento de las plantas. Incluso más sorprendentemente sólo las fusiones N-terminales a SAUR y no la fusión C-terminal muestran el efecto fomentador del crecimiento de las plantas. Curiosamente, el efecto fomentador del crecimiento de SAUR puede combinarse con el efecto de otros genes que fomentan el crecimiento, lo que resulta en un efecto aditivo o incluso sinérgico sobre el crecimiento de las plantas. Este efecto es bastante excepcional, ya que la mayoría de las combinaciones de genes que fomentan el crecimiento dan un efecto menos aditivo, o incluso un efecto menor para la combinación de genes que para cada uno de los genes individuales fomentadores del crecimiento.

25 Se describe en esta memoria el uso de una proteína de fusión que comprende un polipéptido SAUR seleccionado del grupo que consiste en SAUR 19, SAUR 21, SAUR 23 y SAUR 24, en donde dicho polipéptido heterólogo está condensado al extremo N-terminal de dicho polipéptido SAUR y en donde dicha proteína de fusión se expresa en combinación con una proteína seleccionada del grupo que consiste en ARL (número de acceso genbank: NP_850409.1), ANT (AAB17364.1), AGF1 (NP_195265.2), APC10 (Q9ZPW2.2), GRF5 (NP_568325.1) y AVP1 (NP_001077542.1) y/o en combinación con la expresión del gen JAW que codifica un microARN (AY922344.1) y/o en combinación con un gen sub-regulado o inactivado que codifica DA1-1 (NP_173361.1), preferiblemente una inactivación DA1-1. Un gen DA1-1 inactivado, tal como se utiliza aquí, se refiere también a genes DA1-1 que codifican una proteína DA1-1 defectuosa o menos activa. Preferiblemente, el aumento o crecimiento de las plantas y/o el rendimiento, obtenido por la co-expresión de los genes, es al menos aditivo, preferiblemente dicho aumento es sinérgico. Lo más preferiblemente, dicho polipéptido SAUR comprende una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID N° 1-4 (secuencias testadas).

30 Proteínas SAUR son conocidas por la persona experta en la técnica, e incluyen, pero no se limitan a los genes enumerados en la tabla 1, y homólogos u ortólogos de los mismos. Los términos "polipéptido" y "proteína" se utilizan

indistintamente en esta memoria y se refieren a aminoácidos en una forma polimérica de cualquier longitud, enlazados entre sí por enlaces peptídicos. Una "proteína de fusión" se refiere a una proteína en la que dos polipéptidos que en la naturaleza no se producen juntos como parte de la misma proteína están enlazados entre sí por un enlace peptídico para formar una proteína.

- 5 Un aumento del crecimiento y/o rendimiento de la planta se mide comparando la planta de ensayo, co-expresando un gen que codifica una proteína de fusión tal como se describe en esta solicitud con un gen seleccionado del grupo que consiste en ARL, ANT, AGF1, APC10, GRF5 y AVP1, y/o en combinación con la expresión de un microARN recombinante codificado por JAW y/o en combinación con un gen DA1-1 sub-regulado o inactivado, con la planta parental, no transformada, cultivada en las mismas condiciones que el control. Preferiblemente, el aumento del crecimiento se mide como un aumento de la producción de la biomasa. "Rendimiento" se refiere a una situación en la que sólo una parte de la planta, preferiblemente una parte importante económica de la planta, tal como las hojas, las raíces o las semillas, se incrementa en biomasa. El término "aumenta", tal como se utiliza aquí, significa al menos un 5%, 6%, 7%, 8%, 9% o 10%, preferiblemente al menos 15% o 20%, más preferiblemente 25%, 30%, 35% o 40 % más de rendimiento y/o crecimiento en comparación con las plantas de control tal como se definen en esta memoria. El aumento del crecimiento de las plantas, tal como se utiliza aquí, se mide preferiblemente como el aumento de uno cualquiera o más de la biomasa total de la planta, la biomasa de la hoja, la biomasa de la raíz y la biomasa de la semilla. Un ejemplo de dicho aumento es un aumento en la biomasa total de la planta. Preferiblemente, dicho uso es la expresión de la proteína de fusión en dicha planta. Preferiblemente, dicha planta se selecciona del grupo que consiste en *Arabidopsis thaliana*, *Brassica* sp., *Glycine max*, *Medicago truncatula*, *Vitis vinifera*, *Populus* sp., *Solanum* sp., *Beta vulgaris*, *Gossypium hirsutum*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Triticum aestivum*, *Oryza sativa*, *Phyllostachys edulis*, *Miscanthus* sp., *Panicum virgatum*, *Zea mays*, *Saccharum officinarum*, *Sorghum bicolor* y *Ricinus communis*. Dicha planta puede ser una planta de cultivo, preferiblemente una monocotiledónea o un cereal, incluso más preferiblemente es un cereal seleccionado del grupo consistente en arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo y avena.
- 10
- 15
- 20
- 25 La solicitud también describe una planta transgénica, que comprende una proteína de fusión de acuerdo con la solicitud, en donde dicha planta transgénica comprende, además, un gen recombinante que codifica una proteína seleccionada del grupo que consiste en ARL, ANT, AGF1, APC10, GRF5 y AVP1, y / o comprende un gen recombinante que codifica una DA1-1 inactivo y/o un gen JAW recombinante que codifica un microARN. Preferiblemente, dicha planta transgénica se selecciona del grupo que consiste en *Arabidopsis thaliana*, *Brassica* sp., *Glycine max*, *Medicago truncatula*, *Vitis vinifera*, *Populus* sp., *Solanum* sp., *Beta vulgaris*, *Gossypium hirsutum*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Triticum aestivum*, *Oryza sativa*, *Phyllostachys edulis*, *Miscanthus* sp., *Panicum virgatum*, *Zea mays*, *Saccharum officinarum*, *Sorghum bicolor* y *Ricinus communis*. Dicha planta puede ser una planta de cultivo, preferiblemente una monocotiledónea o un cereal, incluso más preferiblemente es un cereal seleccionado del grupo que consiste en arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo y avena.
- 30
- 35 En esta solicitud, "transgénico", "transgén" o "recombinante" significa con respecto a, por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico, una casete de expresión, construcción de gen o un vector que comprende la secuencia de ácido nucleico o un organismo transformado con las secuencias de ácidos nucleicos, las casetes de expresión o los vectores de acuerdo con la solicitud, todas aquellas construcciones provocados por métodos recombinantes en los que o bien (a) las secuencias de ácidos nucleicos que codifican proteínas útiles en los métodos de la solicitud, o (b) secuencia(s) de control genético que está(n) enlazada(s) operativamente con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la solicitud, por ejemplo un promotor, o (c) a) y b) no se encuentran en su entorno genético natural o se han modificado mediante métodos recombinantes, siendo posible que la modificación adopte la forma de, por ejemplo, una sustitución, adición, delección, inversión o inserción de uno o más residuos nucleótidos. El entorno genético natural se entiende que significa el locus genómico o cromosómico natural en la planta original o la presencia en un banco genómico. En el caso de un banco genómico, el entorno genético natural de la secuencia de ácido nucleico está preferentemente retenido, al menos en parte. El entorno flanquea la secuencia de ácido nucleico al menos en un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, preferiblemente al menos 500 pb, de manera especialmente preferible al menos 1000 pb, lo más preferiblemente al menos 5000 pb. Una casete de expresión de origen natural - por ejemplo la combinación que se produce de forma natural del promotor natural de las secuencias de ácidos nucleicos con la secuencia de ácido nucleico correspondiente que codifica un polipéptido útil en los métodos de la presente solicitud, tal como se define anteriormente - se convierte en una casete de expresión transgénica cuando esta casete de expresión se modifica por métodos no naturales, sintéticos ("artificiales") tales como, por ejemplo, el tratamiento mutagénico. Se describen métodos adecuados, por ejemplo, en los documentos US 5.565.350 o WO 00/15815. Los términos y expresiones "polinucleótido(s)", "secuencia(s) de ácido(s) nucleico(s)", "secuencia(s) de nucleótidos(s)", "ácido(s) nucleico(s)", "molécula de ácido nucleico" se utilizan indistintamente en esta memoria y se refieren a nucleótidos, ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos o una combinación de ambos, en una forma no ramificada polimérica de cualquier longitud.
- 40
- 45
- 50
- 55

- Una planta transgénica a los efectos de la solicitud se ha de entender, por lo tanto, en el sentido, como anteriormente, de que los ácidos nucleicos utilizados en el método de la solicitud no están en su locus natural en el genoma de dicha planta, siendo posible que los ácidos nucleicos se expresen de manera homóloga o heteróloga. Sin embargo, tal como se mencionó, transgénico también significa que, mientras que los ácidos nucleicos de acuerdo con la solicitud o utilizados en el método de la invención están en su posición natural en el genoma de una planta, la secuencia se ha modificado con respecto a la secuencia natural, y/o que se han modificado las secuencias reguladoras de las secuencias naturales. Transgénico se entiende preferiblemente en el sentido de que la expresión de los ácidos nucleicos de acuerdo con la solicitud tiene lugar en un locus no natural en el genoma, es decir, la expresión homóloga o, preferiblemente, heteróloga de los ácidos nucleicos.
- La solicitud también describe un método para obtener plantas con características de crecimiento incrementadas, que comprende (1) aislar un ácido nucleico que codifica un polipéptido de la familia SAUR, en donde dicho SAUR se selecciona del grupo que consiste en SAUR19, SAUR21, SAUR23 y SAUR24, (2) condensar dicho ácido nucleico en el extremo 5' a un ácido nucleico que codifica un péptido heterólogo, en el que dicha fusión resulta en una fusión N-terminal al polipéptido SAUR (3) transformar el ácido nucleico condensado en una planta. Preferiblemente, dicho ácido nucleico condensado está enlazado operativamente a un promotor adecuado. "Enlazado operativamente" se refiere a una yuxtaposición en la que los componentes así descritos están en una relación que les permite funcionar de la manera pretendida. Una secuencia promotora "enlazada operativamente" a una secuencia codificante se liga de tal manera que la expresión de la secuencia codificante se consigue en condiciones compatibles con la secuencia promotora. Preferiblemente, dicha planta se selecciona del grupo que consiste en *Arabidopsis thaliana*, *Brassica* sp., *Glycine max*, *Medicago truncatula*, *Vitis vinifera*, *Populus* sp., *Solanum* sp., *Beta vulgaris*, *Gossypium hirsutum*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Triticum aestivum*, *Oryza sativa*, *Phyllostachys edulis*, *Miscanthus* sp., *Panicum virgatum*, *Zea mays*, *Saccharum officinarum*, *Sorghum bicolor* y *Ricinus communis*. Dicha planta puede ser una planta de cultivo, preferiblemente una monocotiledónea o un cereal, preferiblemente es un cereal seleccionado del grupo que consiste en arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo y avena. Preferiblemente, dicho polipéptido SAUR comprende una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID N°1-4 (secuencias testadas).

Tabla I: Lista no limitativa de los miembros de la familia SAUR

Especie	longitud	número de acceso	GI:
SAUR [Raphanus sativus]	95 aa	BAA25434.1	GI: 3043536
proteína de la familia SAUR [Musa balbisiana]	176 aa	BAG70988.1	GI: 199601729
proteína de la familia SAUR [Musa balbisiana]	176 aa	BAG70998.1	GI: 199601704
SAUR33 [Zea mays]	131 aa	NP_001159042.1	GI: 259490681
SAUR12 [Zea mays]	125 aa	NP_001151012.1	GI: 226533132
SAUR55 [Zea mays]	149 aa	NP_001148334.1	GI: 226531724
SAUR52 [Zea mays]	152 aa	NP_001151993.1	GI: 226530832
SAUR20 [Zea mays]	166 aa	NP_001148938.1	GI: 226530568
SAUR37 [Zea mays]	157 aa	NP_001147560.1	GI: 226529857
SAUR40 [Zea mays]	89 aa	NP_001152402.1	GI: 226528649
SAUR31 [Zea mays]	102 aa	NP_001148413.1	GI: 226510187
SAUR23 [Zea mays]	161 aa	NP_001151649.1	GI: 226510085
SAUR25 [Zea mays]	139 aa	NP_001148237.1	GI: 226509128
SAUR20 [Zea mays]	169 aa	NP_001150569.1	GI: 226507274
SAUR30 [Zea mays]	117 aa	NP_001151597.1	GI: 226506882
SAUR11 [Zea mays]	202 aa	NP_001151006.1	GI: 226506308
SAUR16 [Zea mays]	108 aa	NP_001147394.1	GI: 226505984
SAUR11 [Zea mays]	199 aa	NP_001151756.1	GI: 226505124
SAUR1 [Zea mays]	103 aa	NP_001152203.1	GI: 226504722
SAUR52 [Zea mays]	147 aa	NP_001150183.1	GI: 226503087
SAUR14 [Zea mays]	103 aa	NP_001147398.1	GI: 226501774
SAUR56 [Zea mays]	127 aa	NP_001150182.1	GI: 226499078
SAUR33 [Zea mays]	137 aa	NP_001146880.1	GI: 226494413
SAUR9 [Zea mays]	107 aa	NP_001147174.1	GI: 226492799
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	118 aa	EEF06097.1	GI: 222868966

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>	
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	125 aa	EEF05238.1	GI: 222868107
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	123 aa	EEF05232.1	GI: 222868101
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	144 aa	EEF04069.1	GI: 222866938
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	160 aa	EEF03893.1	GI: 222866762
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	119 aa	EEF03856.1	GI: 222866725
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	128 aa	EEF03855.1	GI: 222866724
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	EEF03854.1	GI: 222866723
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	167 aa	EEF03289.1	GI: 222866158
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	153 aa	EEF03223.1	GI: 222866092
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	185 aa	EEF02601.1	GI: 222865470
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	131 aa	EEF02550.1	GI: 222865419
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	156 aa	EEF01541.1	GI: 222864410
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	121 aa	EEF01490.1	GI: 222864359
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	177 aa	EEF00366.1	GI: 222862859
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	110 aa	EEE98534.1	GI: 222860992
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	170 aa	EEE98363.1	GI: 222860821
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	125 aa	EEE98233.1	GI: 222860686
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	181 aa	EEE96973.1	GI: 222859426
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	135 aa	EEE96685.1	GI: 222859138
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	97 aa	EEE95603.1	GI: 222858056
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	EEE94704.1	GI: 222857157
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	EEE93913.1	GI: 222856366
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	123 aa	EEE93715.1	GI: 222856168
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	136 aa	EEE93401.1	GI: 222855854
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	124 aa	EEE92944.1	GI: 222855397
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	EEE91612.1	GI: 222854065
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	EEE91306.1	GI: 222853759
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	114 aa	EEE90949.1	GI: 222853402
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	138 aa	EEE90544.1	GI: 222852997
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	136 aa	EEE89259.1	GI: 222851712
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	132 aa	EEE88450.1	GI: 222850903
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	146 aa	EEE87704.1	GI: 222850157
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	EEE87702.1	GI: 222850155
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	68 aa	EEE87701.1	GI: 222850154
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	141 aa	EEE87700.1	GI: 222850153
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	EEE86957.1	GI: 222849410
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	91 aa	EEE86955.1	GI: 222849408
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	92 aa	EEE86954.1	GI: 222849407
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	99 aa	EEE86953.1	GI: 222849406
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	EEE86951.1	GI: 222849404
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	145 aa	EEE86950.1	GI: 222849403
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	93 aa	EEE86949.1	GI: 222849402
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	95 aa	EEE86948.1	GI: 222849401
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	97 aa	EEE86947.1	GI: 222849400
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	65 aa	EEE86946.1	GI: 222849399
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	90 aa	EEE86945.1	GI: 222849398

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>	
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	107 aa	EEE86944.1	GI: 222849397
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	EEE86883.1	GI: 222849336
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	EEE86882.1	GI: 222849335
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	EEE86881.1	GI: 222849334
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	EEE86880.1	GI: 222849333
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	146 aa	EEE86879.1	GI: 222849332
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	EEE86729.1	GI: 222849182
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	74 aa	EEE86671.1	GI: 222849124
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	89 aa	EEE86670.1	GI: 222849123
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	72 aa	EEE86669.1	GI: 222849122
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	92 aa	EEE86668.1	GI: 222849121
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	97 aa	EEE86667.1	GI: 222849120
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	67 aa	EEE86666.1	GI: 222849119
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	90 aa	EEE86665.1	GI: 222849118
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	94 aa	EEE86664.1	GI: 222849117
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	99 aa	EEE86663.1	GI: 222849116
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	99 aa	EEE86662.1	GI: 222849115
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	96 aa	EEE86661.1	GI: 222849114
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	EEE86660.1	GI: 222849113
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	EEE86658.1	GI: 222849111
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	91 aa	EEE85987.1	GI: 222848440
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	EEE85986.1	GI: 222848439
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	101 aa	EEE85985.1	GI: 222848438
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	145 aa	EEE85982.1	GI: 222848435
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	106 aa	EEE85019.1	GI: 222847472
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	160 aa	EEE84134.1	GI: 222846587
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	127 aa	EEE83807.1	GI: 222846260
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	150 aa	EEE81433.1	GI: 222843886
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	EEE81260.1	GI: 222843713
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	100 aa	EEE81154.1	GI: 222843607
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	111 aa	EEE80702.1	GI: 222843155
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	171 aa	EEE80545.1	GI: 222842998
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	94 aa	EEE80141.1	GI: 222842594
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	EEE79990.1	GI: 222842443
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	126 aa	EEE79223.1	GI: 222841676
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	167 aa	EEE78749.1	GI: 222841202
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	169 aa	EEE78501.1	GI: 222840954
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	106 aa	EEE78304.1	GI: 222840757
SAUR proteína [Medicago truncatula]	125 aa	ABE80127.1	GI: 92870927
SAUR proteína [Medicago truncatula]	140 aa	ABD32679.1	GI: 87240821
SAUR proteína [Medicago truncatula]	130 aa	ABD32678.1	GI: 87240820
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	109 aa	XP_002337465.1	GI: 224154353
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	144 aa	XP_002336416.1	GI: 224147130
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	177 aa	XP_002325984.1	GI: 224146373
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	167 aa	XP_002324724.1	GI: 224142769
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	153 aa	XP_002324658.1	GI: 224142631

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	144 aa	XP_002323936.1 GI: 224141147
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	160 aa	XP_002323760.1 GI: 224140787
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	119 aa	XP_002323723.1 GI: 224140713
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	128 aa	XP_002323722.1 GI: 224140711
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	XP_002323721.1 GI: 224140709
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	125 aa	XP_002323477.1 GI: 224140209
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	123 aa	XP_002323471.1 GI: 224140197
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	81 aa	XP_002327252.1 GI: 224135575
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	118 aa	XP_002321970.1 GI: 224135047
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	110 aa	XP_002320219.1 GI: 224128011
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	170 aa	XP_002320048.1 GI: 224127334
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	105 aa	XP_002329465.1 GI: 224126755
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	97 aa	XP_002319680.1 GI: 224125808
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	166 aa	XP_002329903.1 GI: 224125140
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	181 aa	XP_002318753.1 GI: 224122102
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	169 aa	XP_002330775.1 GI: 224121228
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	135 aa	XP_002318465.1 GI: 224120972
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	135 aa	XP_002331213.1 GI: 224119654
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	125 aa	XP_002317621.1 GI: 224117608
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	185 aa	XP_002316430.1 GI: 224113231
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	131 aa	XP_002316379.1 GI: 224113065
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	156 aa	XP_002315370.1 GI: 224109962
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	121 aa	XP_002315319.1 GI: 224109812
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	146 aa	XP_002313749.1 GI: 224105269
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	XP_002313747.1 GI: 224105265
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	68 aa	XP_002313746.1 GI: 224105263
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	141 aa	XP_002313745.1 GI: 224105261
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104	XP_002313002.1 GI: 224103303
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	91 aa	XP_002313000.1 GI: 224103297
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	92 aa	XP_002312999.1 GI: 224103295
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	99 aa	XP_002312998.1 GI: 224103293
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	XP_002312996.1 GI: 224103287
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	145 aa	XP_002312995.1 GI: 224103283
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	93 aa	XP_002312994.1 GI: 224103279
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	95 aa	XP_002312993.1 GI: 224103277
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	97 aa	XP_002312992.1 GI: 224103275
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	65 aa	XP_002312991.1 GI: 224103273
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	90 aa	XP_002312990.1 GI: 224103269
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	107 aa	XP_002312989.1 GI: 224103265
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	XP_002312928.1 GI: 224103107
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	XP_002312927.1 GI: 224103103
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	XP_002312926.1 GI: 224103101
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	XP_002312925.1 GI: 224103099
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	146 aa	XP_002312924.1 GI: 224103097
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	136 aa	XP_002311892.1 GI: 224100477
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	132 aa	XP_002311083.1 GI: 224097848

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	89 aa	XP_002334603.1 GI: 224097550
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	XP_002310856.1 GI: 224097158
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	114 aa	XP_002310499.1 GI: 224095881
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	138 aa	XP_002310094.1 GI: 224094216
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	124 aa	XP_002309421.1 GI: 224091969
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	XP_002308089.1 GI: 224087160
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	XP_002307708.1 GI: 224085816
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	XP_002306917.1 GI: 224082982
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	123 aa	XP_002306719.1 GI: 224082502
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	136 aa	XP_002306405.1 GI: 224081427
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	148 aa	XP_002306218.1 GI: 224080736
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	74 aa	XP_002306160.1 GI: 224080554
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	89 aa	XP_002306159.1 GI: 224080550
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	72 aa	XP_002306158.1 GI: 224080548
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	92 aa	XP_002306157.1 GI: 224080546
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	97 aa	XP_002306156.1 GI: 224080544
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	67 aa	XP_002306155.1 GI: 224080540
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	90 aa	XP_002306154.1 GI: 224080536
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	94 aa	XP_002306153.1 GI: 224080532
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	99 aa	XP_002306152.1 GI: 224080530
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	99 aa	XP_002306151.1 GI: 224080528
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	96 aa	XP_002306150.1 GI: 224080524
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	XP_002306149.1 GI: 224080522
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	XP_002306147.1 GI: 224080516
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	91 aa	XP_002305476.1 GI: 224078022
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	98 aa	XP_002305475.1 GI: 224078016
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	101 aa	XP_002305474.1 GI: 224078010
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	145 aa	XP_002305471.1 GI: 224077988
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	126 aa	XP_002304244.1 GI: 224074081
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	167 aa	XP_002303770.1 GI: 224072526
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	169 aa	XP_002303522.1 GI: 224071573
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	106 aa	XP_002303325.1 GI: 224071003
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	128 aa	XP_002326368.1 GI: 224069539
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	122 aa	XP_002326359.1 GI: 224069496
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	126 aa	XP_002326308.1 GI: 224069236
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	160 aa	XP_002326143.1 GI: 224068552
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	150 aa	XP_002302160.1 GI: 224066607
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	149 aa	XP_002301987.1 GI: 224065947
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	100 aa	XP_002301881.1 GI: 224065607
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	111 aa	XP_002301429.1 GI: 224064344
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	171 aa	XP_002301272.1 GI: 224063729
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	94 aa	XP_002300868.1 GI: 224062657
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	104 aa	XP_002300717.1 GI: 224062025
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	106 aa	XP_002300214.1 GI: 224060467
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	160 aa	XP_002299329.1 GI: 224057798
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	127 aa	XP_002299002.1 GI: 224056745

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>	
auxina inducida por SAUR 1 [Antirrhinum majus]	48 aa	AAL55415.1	GI: 18071492
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	89 aa	EEF10620.1	GI: 222873489
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	135 aa	EEF10465.1	GI: 222873334
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	169 aa	EEF09708.1	GI: 222872577
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	166 aa	EEF08271.1	GI: 222871140
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	105 aa	EEF07276.1	GI: 222870145
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	81 aa	EEE74057.1	GI: 222835622
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	128 aa	EEE72038.1	GI: 222833561
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	122 aa	EEE72029.1	GI: 222833552
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	126 aa	EEE71978.1	GI: 222833501
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	160 aa	EEE71813.1	GI: 222833336
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	109 aa	EEE77750.1	GI: 222839413
proteína de la familia SAUR [Populus trichocarpa]	144 aa	EEE73392.1	GI: 222834943
SAUR12 [Zea mays]	117 aa	ACG48743.1	GI: 195658551
SAUR33 [Zea mays]	135 aa	ACG48640.1	GI: 195658345
SAUR40 [Zea mays]	89 aa	ACG47423.1	GI: 195655911
SAUR1 [Zea mays]	103 aa	ACG46362.1	GI: 195653789
SAUR52 [Zea mays]	152 aa	ACG45294.1	GI: 195651653
SAUR36 [Zea mays]	145 aa	ACG45154.1	GI: 195651373
SAUR37 [Zea mays]	160 aa	ACG44891.1	GI: 195650847
SAUR11 [Zea mays]	181 aa	ACG44091.1	GI: 195649247
SAUR23 [Zea mays]	161 aa	ACG43656.1	GI: 195648376
SAUR30 [Zea mays]	117 aa	ACG43481.1	GI: 195648026
SAUR55 [Zea mays]	158 aa	ACG41822.1	GI: 195644708
SAUR20 [Zea mays]	169 aa	ACG39599.1	GI: 195640262
SAUR44 [Zea mays]	149 aa	ACG38928.1	GI: 195638920
SAUR56 [Zea mays]	127 aa	ACG38150.1	GI: 195637364
SAUR55 [Zea mays]	149 aa	ACG35907.1	GI: 195628154
SAUR31 [Zea mays]	102 aa	ACG31378.1	GI: 195619096
SAUR25 [Zea mays]	139 aa	ACG30255.1	GI: 195616850
SAUR14 [Zea mays]	103 aa	ACG27349.1	GI: 195611038
SAUR16 [Zea mays]	108 aa	ACG27315.1	GI: 195610970
SAUR25 [Zea mays]	138 aa	ACG26269.1	GI: 195608878
SAUR9 [Zea mays]	107 aa	ACG25834.1	GI: 195608008
SAUR_C [Arabidopsis thaliana]	189 aa	NP_194860.1	GI: 15235917
SAUR_D [Arabidopsis thaliana]	178 aa	NP_180016.1	GI: 15224133
SAUR_B [Arabidopsis thaliana]	190 aa	NP_001031914.1	GI: 79328260
SAUR_E [Arabidopsis thaliana]	150 aa	NP_195201.1	GI: 15236186
[Arabidopsis thaliana]	160 aa	NP_189898.1	GI: 15229222
[Oryza sativa japonica Grupo]	166 aa	BAG98524.1	GI: 215766296
[Oryza sativa japonica Grupo]	153 aa	BAG98478.1	GI: 215766250
[Oryza sativa japonica Grupo]	128 aa	BAG98236.1	GI: 215766008
[Oryza sativa japonica Grupo]	143 aa	BAG98212.1	GI: 215765984
[Oryza sativa japonica Grupo]	120 aa	BAG87305.1	GI: 215765608
[Oryza sativa japonica Grupo]	141 aa	BAG97924.1	GI: 215741429
[Oryza sativa japonica Grupo]	133 aa	BAG97805.1	GI: 215741310

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>	
[Oryza sativa japonica Grupo]	96 aa	BAG88609.1	GI: 215693227
[Arabidopsis thaliana]	112 aa	NP_179392.1	GI: 15227953
[Arabidopsis thaliana]	108 aa	NP_179248.1	GI: 15227246
[Arabidopsis thaliana]	104 aa	NP_179718.1	GI: 15226486
[Arabidopsis thaliana]	98 aa	NP_179717.1	GI: 15226485
[Arabidopsis thaliana]	86 aa	NP_179716.1	GI: 15226484
[Arabidopsis thaliana]	142 aa	NP_200171.2	GI: 42568515
[Arabidopsis thaliana]	146 aa	NP_173471.2	GI: 30686846
[Arabidopsis thaliana]	135 aa	NP_181163.2	GI: 30686707
[Arabidopsis thaliana]	131 aa	NP_849679.1	GI: 30685273
[Arabidopsis thaliana]	93 aa	NP_187035.2	GI: 30678959
[Arabidopsis thaliana]	131 aa	NP_683527.1	GI: 22330829
[Arabidopsis thaliana]	122 aa	NP_567196.1	GI: 18411465
[Arabidopsis thaliana]	154 aa	NP_565113.1	GI: 18410889
[Arabidopsis thaliana]	119 aa	NP_565042.1	GI: 18410081
[Arabidopsis thaliana]	124 aa	NP_565665.1	GI: 18401625
[Arabidopsis thaliana]	139 aa	NP_566440.1	GI: 18399805
SAUR68 [Arabidopsis thaliana]	143 aa	NP_564332.1	GI: 18397123
[Arabidopsis thaliana]	102 aa	NP_564331.1	GI: 18397116
[Arabidopsis thaliana]	148 aa	NP_564330.1	GI: 18397103
[Arabidopsis thaliana]	141 aa	NP_564329.1	GI: 18397101
[Arabidopsis thaliana]	114 aa	NP_195951.1	GI: 15242718
[Arabidopsis thaliana]	127 aa	NP_197582.1	GI: 15242071
[Arabidopsis thaliana]	183 aa	NP_199889.1	GI: 15241259
[Arabidopsis thaliana]	142 aa	NP_198130.1	GI: 15241052
[Arabidopsis thaliana]	99 aa	NP_201427.1	GI: 15239314
[Arabidopsis thaliana]	111 aa	NP_199056.1	GI: 15238955
[Arabidopsis thaliana]	148 aa	NP_196660.1	GI: 15238919
[Arabidopsis thaliana]	90 aa	NP_197309.1	GI: 15238736
[Arabidopsis thaliana]	90 aa	NP_197307.1	GI: 15238721
[Arabidopsis thaliana]	90 aa	NP_197306.1	GI: 15238719
[Arabidopsis thaliana]	88 aa	NP_197304.1	GI: 15238716
[Arabidopsis thaliana]	91 aa	NP_197303.1	GI: 15238715
[Arabidopsis thaliana]	90 aa	NP_197302.1	GI: 15238714
[Arabidopsis thaliana]	92 aa	NP_193115.1	GI: 15236351
[Arabidopsis thaliana]	105 aa	NP_195207.1	GI: 15236200
[Arabidopsis thaliana]	94 aa	NP_195206.1	GI: 15236199
[Arabidopsis thaliana]	108 aa	NP_195205.1	GI: 15236198
[Arabidopsis thaliana]	106 aa	NP_195204.1	GI: 15236189
[Arabidopsis thaliana]	104 aa	NP_195203.1	GI: 15236188
[Arabidopsis thaliana]	107 aa	NP_195202.1	GI: 15236187
[Arabidopsis thaliana]	160 aa	NP_193993.1	GI: 15235723
[Arabidopsis thaliana]	105 aa	NP_195597.1	GI: 15234829
SAUR15 [Arabidopsis thaliana]	89 aa	NP_195596.1	GI: 15234827
[Arabidopsis thaliana]	99 aa	NP_195595.1	GI: 15234825
[Arabidopsis thaliana]	157 aa	NP_192978.1	GI: 15234550

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>	
[Arabidopsis thaliana]	104 aa	NP_195334.1	GI: 15234294
[Arabidopsis thaliana]	103 aa	NP_192691.1	GI: 15233907
[Arabidopsis thaliana]	113 aa	NP_187598.1	GI: 15232781
[Arabidopsis thaliana]	170 aa	NP_191628.1	GI: 15232400
[Arabidopsis thaliana]	109 aa	NP_190893.1	GI: 15231777
[Arabidopsis thaliana]	118 aa	NP_188657.1	GI: 15231081
[Arabidopsis thaliana]	132 aa	NP_187889.1	GI: 15230601
[Arabidopsis thaliana]	106 aa	NP_190688.1	GI: 15230423
[Arabidopsis thaliana]	95 aa	NP_187034.1	GI: 15228641
[Arabidopsis thaliana]	92 aa	NP_187033.1	GI: 15228640
[Arabidopsis thaliana]	96 aa	NP_187032.1	GI: 15228639
[Arabidopsis thaliana]	136 aa	NP_191749.1	GI: 15228626
[Arabidopsis thaliana]	124 aa	NP_181240.1	GI: 15228072
[Arabidopsis thaliana]	121 aa	NP_182192.1	GI: 15226425
[Arabidopsis thaliana]	162 aa	NP_182046.1	GI: 15225432
[Arabidopsis thaliana]	153 aa	NP_173413.1	GI: 15223691
[Arabidopsis thaliana]	117 aa	NP_173411.1	GI: 15223685
[Arabidopsis thaliana]	110 aa	NP_176011.1	GI: 15223462
[Arabidopsis thaliana]	123 aa	NP_177746.1	GI: 15222984
[Arabidopsis thaliana]	108 aa	NP_177688.1	GI: 15222294
[Arabidopsis thaliana]	134 aa	NP_178034.1	GI: 15219296
[Arabidopsis thaliana]	147 aa	NP_173100.1	GI: 15219275
[Arabidopsis thaliana]	135 aa	NP_174243.1	GI: 15218951
[Arabidopsis thaliana]	141 aa	NP_174236.1	GI: 15218924
[Arabidopsis thaliana]	104 aa	NP_175002.1	GI: 15218238
Os09g0437100 [Oryza sativa japonica]	165 aa	BAH94585.1	GI: 255678926
Os06g0702000 [Oryza sativa japonica]	61 aa	BAH93710.1	GI: 255677370
Os06g0701900 [Oryza sativa japonica]	134 aa	BAF20401.2	GI: 255677369
Os06g0671150 [Oryza sativa japonica]	140 aa	BAH93678.1	GI: 255677311
Os04g0617050 [Oryza sativa japonica]	120 aa	BAH92818.1	GI: 255675777
Os04g0517900 [Oryza sativa japonica]	129 aa	BAH92744.1	GI: 255675624
Os01g0924966 [Oryza sativa japonica]	173 aa	BAH91446.1	GI: 255674015
Os01g0768333 [Oryza sativa japonica]	122 aa	BAH91311.1	GI: 255673718
Os02g0306200 [Oryza sativa japonica]	143 aa	BAH91643.1	GI: 255670825
Os02g0143400 [Oryza sativa japonica]	130 aa	BAF07783.2	GI: 255670598
Os02g0143300 [Oryza sativa japonica]	120 aa	BAF07782.2	GI: 255670597
Os12g0626200 [Oryza sativa japonica]	130 aa	BAF30342.1	GI: 113649830
Os10g0510500 [Oryza sativa japonica]	125 aa	BAF26951.1	GI: 113639646
Os09g0546100 [Oryza sativa japonica]	141 aa	BAF25753.1	GI: 113632072
Os09g0437400 [Oryza sativa japonica]	190 aa	BAF25178.1	GI: 113631497
Os08g0452500 [Oryza sativa japonica]	133 aa	BAF23868.1	GI: 113623923
Os08g0118500 [Oryza sativa japonica]	109 aa	BAF22782.1	GI: 113622837
Os07g0475700 [Oryza sativa japonica]	120 aa	BAF21536.1	GI: 113611158
Os06g0714300 [Oryza sativa japonica]	141 aa	BAF20487.1	GI: 113596613
Os04g0662400 [Oryza sativa japonica]	153 aa	BAF16070.1	GI: 113565727
Os04g0662200 [Oryza sativa japonica]	143 aa	BAF16069.1	GI: 113565726

ES 2 613 455 T3

<i>Especie</i>	<i>longitud</i>	<i>número de acceso</i>
Os02g0769100 [Oryza sativa japonica]	128 aa	BAF10155.1 GI: 113537772
Os02g0643800 [Oryza sativa japonica]	190 aa	BAF09475.1 GI: 113537092
Os02g0512000 [Oryza sativa japonica]	166 aa	BAF08854.1 GI: 113536471
Os02g0445600 [Oryza sativa japonica]	94 aa	BAF08663.1 GI: 113536280
Os02g0445100 [Oryza sativa japonica]	96 aa	BAF08662.1 GI: 113536279
[Oryza sativa japonica Grupo]	90 aa	BAH01591.1 GI: 215769362
[Oryza sativa japonica Grupo]	129 aa	BAH01004.1 GI: 215768775
[Oryza sativa japonica Grupo]	171 aa	BAH00993.1 GI: 215768764
[Oryza sativa japonica Grupo]	141 aa	BAH00901.1 GI: 215768672
[Oryza sativa japonica Grupo]	176 aa	BAG99230.1 GI: 215767002
[Oryza sativa japonica Grupo]	173 aa	BAG99136.1 GI: 215766908
[Oryza sativa japonica Grupo]	150 aa	BAG86730.1 GI: 215765033
[Oryza sativa japonica Grupo]	133 aa	BAG95554.1 GI: 215734832
[Oryza sativa japonica Grupo]	141 aa	BAG88424.1 GI: 215693004
[Arabidopsis thaliana]	99 aa	CAB80547.1 GI: 7270867
Os12g0626200 [Oryza sativa]	130 aa	NP_001067323.1 GI: 115489672
Os10g0510500 [Oryza sativa]	125 aa	NP_001065037.1 GI: 115482888
Os09g0547000 [Oryza sativa]	141 aa	NP_001063846.1 GI: 115480505
Os09g0546300 [Oryza sativa]	157 aa	NP_001063841.1 GI: 115480495
Os09g0546000 [Oryza sativa]	144 aa	NP_001063838.1 GI: 115480489
Os09g0508100 [Oryza sativa]	138 aa	NP_001063619.1 GI: 115480051
Os09g0437400 [Oryza sativa]	190 aa	NP_001063264.1 GI: 115479341
Os08g0452500 [Oryza sativa]	133 aa	NP_001061954.1 GI: 115476716
Os08g0118500 [Oryza sativa]	109 aa	NP_001060868.1 GI: 115474543
Os07g0475700 [Oryza sativa]	120 aa	NP_001059622.1 GI: 115472047
Os06g0714300 [Oryza sativa]	141 aa	NP_001058573.1 GI: 115469948
Os06g0701900 [Oryza sativa]	312 aa	NP_001058487.1 GI: 115469776
Os04g0662400 [Oryza sativa]	153 aa	NP_001054156.1 GI: 115461112
Os04g0662200 [Oryza sativa]	143 aa	NP_001054155.1 GI: 115461110
Os04g0608300 [Oryza sativa]	176 aa	NP_001053812.1 GI: 115460424
Os02g0769100 [Oryza sativa]	128 aa	NP_001048241.1 GI: 115448923
Os02g0643800 [Oryza sativa]	190 aa	NP_001047561.1 GI: 115447563
Os02g0512000 [Oryza sativa]	166 aa	NP_001046940.1 GI: 115446321
Os02g0445600 [Oryza sativa]	94 aa	NP_001046749.1 GI: 115445939
Os02g0445100 [Oryza sativa]	96 aa	NP_001046748.1 GI: 115445937
Os02g0143400 [Oryza sativa]	124 aa	NP_001045869.1 GI: 115444179
Os02g0143300 [Oryza sativa]	121 aa	NP_001045868.1 GI: 115444177
[Vigna radiata var. radiata]	92 aa	BAA03310.1 GI: 287570
[Vigna radiata var. radiata]	196 aa	BAA03309.1 GI: 287568
[Vigna radiata var. radiata]	194 aa	BAA03308.1 GI: 287566
proteína tipo SAUR-AC [Arabidopsis thaliana]	92 aa	CAB78421.1 GI: 7268083

BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS FIGURAS

Figura 1: Longitud del hipocotilo de plántulas cultivadas (a la) luz de 10 días de edad. Fusiones N-terminales de GFP o StrepII con SAUR19 y SAUR24 confieren una longitud incrementada del hipocotilo (1) control Col; (2) fusión N-terminal de GFP-SAUR 19; (3) fusión N-terminal de StrepII-SAUR19; (4) fusión N-terminal de StrepII-SAUR24.

Figura 2: Longitud del hipocotilo de plántulas cultivadas a la luz de 10. Fusiones GFP N-terminales de SAUR19, 21, 23 ó 24 confieren una longitud incrementada del hipocotilo. Construcciones de SAUR19 sin etiquetar o etiquetadas en el extremo C se asemejan a los controles Col. (1) Control Col; (2) fusión N-terminal de GFP-SAUR19; (3) fusión N-terminal de GFP-SAUR21; (4) fusión N-terminal de GFP-SAUR23; (5) fusión N-terminal de GFP-SAUR24; (6) sobre-expresión de SAUR 19 no condensada; (7) fusión C-terminal de SAUR19-GFP.

Figura 3: Mediciones de biomasa. La parte vegetativa de las plantas (Controles Col y plantas GFP-SAUR19) cultivadas *in vitro* se cosechó 20 días después de la estratificación y se midió el peso en fresco (n = 12). Se analizan dos líneas independientes (SAUR19-1 y SAUR19-2).

Figura 4: Mediciones del área foliar. Las plantas se cultivaron *in vitro* durante 20 días y se realizaron series de hojas para medir el área foliar individual. Verde: líneas OE de GFP SAUR19 (dos líneas independientes: SAUR19-1 y SAUR19-2), naranja: plantas de tipo silvestre.

Figura 5: Combinación de la sobre-expresión de GFP-SAUR19 con otras líneas IYG. A/ ejemplo de una combinación que conduce a un efecto aditivo en el área de la hoja. B/ ejemplo de una combinación que conduce a un efecto positivo (más de lo esperado) en el crecimiento. Para un cruce dado, el área foliar esperado en caso de un efecto aditivo (*) se calculó sumando las áreas de los dos parentales heterocigotos y restando el área del control Col-0.

EJEMPLOS

Materiales y métodos para los ejemplos

Construcciones de ADN SAUR

Secuencias que codifican SAUR fueron amplificadas mediante PCR de ADN genómico de Col-0 de Arabidopsis y Gateway clonados en pDONR207. Los clones donantes resultantes se secuenciaron y luego utilizaron para transferir las regiones codificantes de SAUR en vectores de destino pMDC32 (Curtiss y Grossniklaus, 2003) (35S::SAUR), pMDC43 (Curtiss y Grossniklaus, 2003) (35S:: GFP-SAUR), pMDC84 (Curtiss y Grossniklaus, 2003) (35S::SAUR-GFP) o pJ2B-StepII-GW (35S::StrepII-SAUR) según el protocolo de Gateway LR Clonase (Invitrogen). Los vectores binarios resultantes se introdujeron en la cepa GV3101 de Agrobacterium, que se utilizó para transformar plantas Col-0 de Arabidopsis utilizando el método de inmersión floral.

Material vegetal y condiciones de crecimiento

Se seleccionaron dos líneas homocigóticas independientes (SAUR19-1 y SAUR19-2) que sobre-expresan el gen SAUR19 (At5g18010) fusionada a la GFP en su extremo N-terminal después de la transformación de Agrobacterium con la construcción que contiene la fusión GFP-SAUR19 bajo el control del promotor CaMV35S. Estas plantas se cultivaron para el análisis fenotípico *in vitro* en un medio de semi-resistencia Murashige y Skoog (Murashige y Skoog, 1962), suplementado con sacarosa al 1% a 21°C bajo un régimen de 16 h de día/8-h de noche.

Análisis del crecimiento

Para la medición de la biomasa, se recolecta la parte vegetativa de una planta de 20 días de edad y se mide el peso en fresco. Para las mediciones del área de las hojas de roseta, 8-12 plántulas se hicieron crecer en condiciones *in vitro* durante 20 días. Hojas individuales (cotiledones y hojas de roseta) se diseccionaron y su área se midió con el software ImageJ (<http://rsb.info.nih.gov/ij/>).

Ensayos del hipocotilo

Se identificaron líneas transgénicas homocigóticas y la expresión de los transgenes se confirmó por hibridación Northern. Las semillas de las líneas transgénicas homocigóticas se esterilizaron con 30% de lejía, se estratificaron a 4°C durante cuatro días, y después se transfirieron a placas de agar ATS (Lincoln et al., 1990). Las plántulas se cultivaron durante 10 días en una cámara de cultivo de plantas a 20°C bajo condiciones de luz de día largo (16:8). El día 10, las plántulas se fotografiaron y se midieron las longitudes del hipocotilo en un ordenador utilizando un software de formación de imágenes.

Combinación de líneas potenciadoras del crecimiento

Para obtener plantas dobles transgénicas, líneas homocigóticas que expresan los respectivos genes potenciadores del crecimiento se cruzaron entre sí y se analizó la progenie F1. Como controles, se hicieron cruces con un Col-0 de tipo salvaje. Se realizaron series de hojas a partir de plantas cultivadas en condiciones *in vitro* durante 20 días y el área foliar se midió con el software ImageJ (<http://rsb.info.nih.gov/ij/>).

5 Ejemplo 1: El análisis fenotípico de sobre-expresores de proteínas de fusión SAUR

Las plantas que expresan proteínas de fusión SAUR marcadas en posición N-terminal exhibían un aumento de 1,5-2 veces en la longitud del hipocotilo. Este aumento en el tamaño del órgano parece ser debido principalmente a una expansión incrementada de las células, ya que las mediciones de longitud de las células estaban altamente correlacionadas con la longitud del hipocotilo. Por el contrario, no se observaron efectos sobre la longitud del hipocotilo con plantas que sobre-expresan proteínas SAUR no marcadas o marcadas en posición C-terminal. Un mínimo de tres líneas transgénicas independientes se analizaron para cada construcción (Figuras 1 y 2).

Con el fin de evaluar el efecto de la sobre-expresión de SAUR 19 en el crecimiento, se realizaron mediciones de la biomasa y del área foliar en las líneas GFP-SAUR19. La parte vegetativa de las plantas cultivadas bajo condiciones *in vitro* se cosechó 20 días después de la estratificación y se midió el peso en fresco. Como se muestra en la figura 3, la biomasa de la GFP-SAUR19 aumenta en un 30% en comparación con las plantas de tipo silvestre. Posteriormente se hicieron series de hojas a partir de plantas cosechadas en la misma fase con el fin de medir el área de cada hoja individual de la roseta (figura 4). Este análisis reveló que las dos líneas SAUR19-GFP conducen a la producción de hojas más grandes, sin embargo, la medida del aumento de tamaño difiere entre las dos líneas. La GFP-SAUR19 (línea 1) conduce a un aumento del área de las hojas de 4 a 6, mientras que en GFP-SAUR19 (línea 2), casi todas las hojas son más grandes (2 a 9).

Ejemplo 2: Cruces con otras líneas IYG

Con el fin de investigar las posibles conexiones genéticas entre SAUR19 y otros genes que conducen a un aumento del área de la hoja cuando se sobre-expresan o sub-regulan, se realizaron cruces entre GFP-SAUR19-2 y 10 líneas de genes de rendimiento intrínseco (IYG) (AGF1 (documento WO02079403), ANT (Mizukami et al., 2000), APC10, ARL (Hu Y, et al. 2006), AVP1 (Li J, et al. 2005), BRI1 (Wang Z-Y, et al. 2001), DA1 (Li Y, et al., 2008) EXP10 (Cho H-T, Cosgrove DJ. 2000), GA20OX (Coles JP, et al. 1999), GRF5 (Horiguchi, et al. 2005) y JAW (Schommer C, et al. 2008)). IYG son genes que cuando se sobre-expresan o mutan potencian el crecimiento de las plantas. El comportamiento de crecimiento de la progenie heterocigota se analizó en condiciones estándar mediante la medición del área de la hoja. Este análisis permitió la identificación de efectos aditivos/sinérgicos/antagonistas de combinaciones de genes en el crecimiento. Por ejemplo, cuando GFP-SAUR19 y AVP1 se sobre-expresan simultáneamente en la misma planta, el tamaño final de la hoja corresponde a la suma del efecto de los parentales heterocigotos, lo que sugiere que estos genes funcionan de manera independiente para controlar el tamaño del órgano (figura 5A). Curiosamente, la combinación GFP-SAUR19 y DA1-1 conduce a la producción de hojas que son mayores de lo que se espera para un efecto aditivo, lo que sugiere que estos dos genes funcionan sinérgicamente para aumentar el tamaño de la hoja (figura 5B). En la mayoría de los casos, la combinación conduce a un efecto aditivo (AVP1, APC10, AGF1, ANT, ARL, JAW, GRF5). En un caso, GFP-SAUR19 combinado con BRI, los autores de la invención observaron un efecto negativo en el crecimiento de las hojas. Para dos casos, la combinación de GFP-SAUR19 con EXP10 y GA20-ox, el efecto sobre el crecimiento no está claro.

Referencias

- 40 - Anai, T., Kono, N., Kosemura, S., Yamamura, S. y Hasegawa, K. (1998). Isolation and characterization of an auxin-inducible SAUR gene from radish seedlings. DNA seq. 9, 329-333.
- Cho HT, Cosgrove DJ (2000) Altered expression of expansin modulates leaf growth and pedicel abscission in *Arabidopsis thaliana*. Proc Natl Acad Sci U S A 97: 9783-9788.
- 45 - Coles JP, Phillips AL, Croker SJ, Garcia-Lepe R, Lewis MJ, Hedden P (1999) Modification of gibberellin production and plant development in *Arabidopsis* by sense and antisense expression of gibberellin 20-oxidase genes. Plant J 17: 547-556.
- Curtis, M.D. y Grossniklaus, U. (2003). A gateway cloning vector set for high-throughput functional analysis of genes in planta. Plant Physiol 133, 462-469.
- 50 - Franco, A.R., Gee, M.A. y Guilfoyle, T.J. (1990). Induction and superinduction of auxin-responsive mRNAs with auxin and protein synthesis inhibitors. J. Biol. Chem. 265, 15845-15849.
- Gonzalez, N. Gerrit TS Beemster, G.T.S. e Inzé D. (2009). David and Goliath: what can the tiny weed *Arabidopsis* teach us to improve biomass production in crops? Current Opinion in Plant Biology. 12: 157-164.
- Horiguchi G, Kim GT, Tsukaya H (2005) The transcription factor AtGRF5 and the transcription coactivator AN3 regulate cell proliferation in leaf primordia of *Arabidopsis thaliana*. Plant J 43: 68-78.
- 55 - Hu Y, Poh HM, Chua NH (2006) The *Arabidopsis* ARGOS-LIKE gene regulates cell expansion during organ growth.

- Plant J 47: 1-9.
- Jain, M., Tyagi, A.K. y Khurana, J.P. (2006). Genome-wide analysis, evolutionary expansion, and expression of early auxin-responsive SAUR gene family in rice (*Oryza sativa*). *Genomics*, 88, 360-371.
 - 5 - Kant, S., Bi, Y.M., Zhu, T y Rothstein, S.J. (2009). SAUR39, a small auxin-up RNA gene, acts as a negative regulator of auxin synthesis and transport in rice. *Plant Physiol.* 151, 691-701.
 - Li J, Yang H, Peer WA, Richter G, Blakeslee J, Bandyopadhyay A, Titapiwantakun B, Undurraga S, Khodakovskaya M, Richards EL, Krizek B, Murphy AS, Gilroy S, Gaxiola R (2005) Arabidopsis H⁺-PPase AVP1 regulates auxin-mediated organ development. *Science* 310: 121-125.
 - 10 - Li Y, Zheng L, Corke F, Smith C, Bevan MW (2008) Control of final seed and organ size by the DA1 gene family in *Arabidopsis thaliana*. *Genes Dev* 22: 1331-1336.
 - Knauss, S., Rohrmeier, T. y Lehle, L. (2003). The auxin-induced maize gene ZmSAUR2 encodes short-lived nuclear protein expressed in elongating tissues.
 - Lincoln, C., Britton, J.H. y Estelle, M. (1990). Growth and development of the *axr1* mutants of *Arabidopsis*. *Plant Cell* 2, 1071-1080.
 - 15 - Marchler-Bauer, A., Anderson, J.B., Chitsaz, F., Derbyshire, M.K., DeWeese-Scott, C., Fong, J.H., Geer, L.Y., Geer, R.C., Gonzales, N.R., Gwadz, M., He, S., Hurwitz, D.I., Jackson, J.D., Ke, Z., Lanczycki, C.J., Liebert, C.A., Liu, C., Lu, F., Lu, S., Marchler, G.H., Mullokandov, M., Song, J.S., Tasneem, A., Thanki, N., Yamashita, R.A., Zhang, D., Zhang, N. y Bryant, S.H. (2009). CDD: specific functional annotation with the Conserved Domain Database. *Nucleic Acids Res.* 37(Database issue):D205-10.
 - 20 - Mizukami Y, Fischer RL (2000) Plant organ size control: AINTEGUMENTA regulates growth and cell numbers during organogenesis. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97: 942-947.
 - Murashige T, Skoog F (1962) A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. *Physiol Plant* 15: 473 497
 - 25 - Palatnik JF, Allen E, Wu X, Schommer C, Schwab R, Carrington JC, Weigel D (2003) Control of leaf morphogenesis by microRNAs. *Nature* 425: 257-263.
 - Park J-E, Kim Y-S, Yoon H-K, Park C-M (2006) Functional characterization of a small auxin-up RNA gene in apical hook development in *Arabidopsis*. *Plant Science* 172: 150-157.
 - Van Camp, W. (2005). Yield enhancement genes: seeds for growth. *Curr Opin Biotech* 16: 147-153
 - 30 - Wang ZY, Seto H, Fujioka S, Yoshida S, Chory J (2001) BRI1 is a critical component of a plasma-membrane receptor for plant steroids. *Nature* 410: 380-383.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> VIB VZW UNIVERSITEIT GENT REGENTS OF THE UNIVERSITY OF MINNESOTA

<120> PROTEÍNAS DE FUSIÓN FOMENTADORAS DEL CRECIMIENTO

5 <130> DI/SAUR/341

<150> GB 1007834.3

<151> 11-05-2010

<150> US 61/395,398

<151> 11-05-2010

10 <160> 6

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 90

<212> PRT

15 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 1

Met Ala Phe Val Arg Ser Leu Leu Gly Ala Lys Lys Ile Leu Ser Arg
1 5 10 15

Ser Thr Ala Ala Gly Ser Ala Ala Pro Lys Gly Phe Leu Ala Val Tyr
20 25 30

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

Ser Gln Pro Ser Phe Gln Ala Leu Leu Ser Lys Ser Glu Glu Glu Phe
50 55 60

Gly Phe Ala His Pro Met Gly Gly Leu Thr Ile Pro Cys Pro Glu Asp
65 70 75 80

Thr Phe Ile Asn Val Thr Ser Arg Leu Gln
85 90

20 <210> 2

<211> 88

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

25

ES 2 613 455 T3

Met Ala Leu Val Arg Ser Leu Leu Gly Ala Lys Lys Ile Leu Ser Arg
 1 5 10 15

Ser Thr Ala Ser Ala Ala Pro Lys Gly Phe Leu Ala Val Tyr Val Gly
 20 25 30
 Glu Ser Gln Lys Lys Arg Tyr Leu Val Pro Leu Ser Tyr Leu Ser Gln
 35 40 45

Pro Ser Phe Gln Ala Leu Leu Ser Lys Ser Glu Glu Glu Phe Gly Phe
 50 55 60

Asp His Pro Met Gly Gly Leu Thr Ile Pro Cys Pro Glu Asp Thr Phe
 65 70 75 80

Ile Asn Val Thr Ser Arg Leu Gln
 85

<210> 3

<211> 90

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 3

Met Ala Leu Val Arg Ser Leu Leu Val Ala Lys Lys Ile Leu Ser Arg
 1 5 10 15

Ser Ala Ala Ala Val Ser Ala Pro Pro Lys Gly Phe Leu Ala Val Tyr
 20 25 30

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

Asn Gln Pro Ser Phe Gln Ala Leu Leu Ser Lys Ser Glu Glu Glu Phe
 50 55 60

Gly Phe Asp His Pro Met Gly Gly Leu Thr Ile Pro Cys Pro Glu Asp
 65 70 75 80

Thr Phe Ile Asn Val Thr Ser Arg Leu His
 85 90

10

<210> 4

<211> 90

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

15 <400> 4

ES 2 613 455 T3

Met Ala Phe Val Arg Ser Leu Leu Gly Ala Lys Lys Ile Leu Ser Arg
 1 5 10 15

Ser Thr Gly Ala Gly Ser Ala Ala Pro Lys Gly Phe Leu Ala Val Tyr
 20 25 30

Val Gly Glu Ser Gln Lys Lys Arg Tyr Leu Val Pro Val Ser Tyr Leu
 35 40 45
 Asn Gln Pro Ser Phe Gln Ala Leu Leu Ser Lys Ser Glu Glu Glu Phe
 50 55 60

Gly Phe Asp His Pro Met Gly Gly Leu Thr Ile Pro Cys Pro Glu Asp
 65 70 75 80

Thr Phe Ile Asn Val Thr Ser Arg Leu Gln
 85 90

5 <210> 5
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

10 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (1)..(1)
 <223> Xaa puede ser E, K o R

15 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa puede ser H, N, F, Y o S

20 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa puede ser V, L o F

25 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa puede ser P o A

30 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa puede ser Y, S o C

35 <400> 5

Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Val Xaa Val
 1 5

<210> 6

<211> 11
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

5 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa puede ser R, E, K o S

10 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa puede ser R, K, E o D

15 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa puede ser A o V

20 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (6)..(6)
 <223> Xaa puede ser A o E

25 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa puede ser Q o E

30 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa puede ser Y o F

35 <220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISCELÁNEA
 <222> (11)..(11)
 <223> Xaa puede ser Y o F

<400> 6

45 Leu Leu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Glu Xaa Gly Xaa
 1 5 10

REIVINDICACIONES

- 5 1. El uso de una proteína de fusión que comprende un polipéptido SAUR seleccionado del grupo que consiste en SAUR 19, SAUR 21, SAUR 23 y SAUR 24, en donde dicho polipéptido heterólogo está condensado al extremo N-terminal de SAUR y en donde dicha proteína de fusión se expresa en combinación de la expresión de un gen recombinante que codifica una proteína seleccionada del grupo que consiste en ARL, ANT, AGF1, APC10, GRF5 y AVP1 y/o en combinación con la expresión de un microARN codificado por JAW y/o en combinación con un gen DA1-1 sub-regulado o inactivado.
- 10 2. El uso de una proteína de fusión de acuerdo con la reivindicación 1, en donde dicha proteína de fusión comprende una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID N° 1-4.
- 10 3. El uso de una proteína de fusión de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 ó 2, para aumentar el crecimiento de las plantas y/o el rendimiento de las plantas.
- 15 4. Una planta transgénica, que comprende una proteína de fusión que comprende un polipéptido SAUR seleccionado del grupo que consiste en SAUR 19, SAUR 21, SAUR 23 y SAUR 24, en donde dicho polipéptido heterólogo está condensado al extremo N-terminal de SAUR y en donde dicha proteína de fusión aumenta el crecimiento de las plantas y/o el rendimiento de las plantas, comprendiendo dicha planta transgénica, además, un gen recombinante que codifica un DA1-1 inactivo y/o un gen recombinante que codifica una proteína seleccionada del grupo que consiste en ARL, ANT, AGF1, APC10, GRF5 y AVP1 y/o un gen JAW recombinante que codifica un microARN.
- 20 5. La planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 4, en donde dicha planta se selecciona del grupo que consiste en *Arabidopsis thaliana*, *Brassica* sp., *Glycine max*, *Medicago truncatula*, *Vitis vinifera*, *Populus* sp., *Solanum* sp., *Beta vulgaris*, *Gossypium hirsutum*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Triticum aestivum*, *Oryza sativa*, *Phyllostachys edulis*, *Miscanthus* sp., *Panicum virgatum*, *Zea mays*, *Saccharum officinarum*, *Sorghum bicolor* y *Ricinus communis*.
- 25 6. Un método para obtener plantas con características de crecimiento incrementadas, que comprende (1) aislar un ácido nucleico que codifica un polipéptido SAUR, seleccionado del grupo que consiste en SAUR19, SAUR21, SAUR23 y SAUR24, (2) condensar dicho ácido nucleico en el extremo 5' a un ácido nucleico que codifica un péptido heterólogo, en el que dicha fusión resulta en una fusión N-terminal al polipéptido SAUR, (3) transformar el ácido nucleico condensado en una planta y (4) expresar dicho polipéptido de fusión en una planta que comprende un gen recombinante que codifica un DA1-1 inactivo y/o un gen recombinante que codifica una proteína seleccionada del grupo que consiste en ARL, ANT, AGF1, APC10, GRF5 y AVP1 y/o un gen JAW recombinante que codifica un microARN.
- 30 7. El método de acuerdo con la reivindicación 6, en el que dicha planta se selecciona del grupo que consiste en *Arabidopsis thaliana*, *Brassica* sp., *Glycine max*, *Medicago truncatula*, *Vitis vinifera*, *Populus* sp., *Solanum* sp., *Beta vulgaris*, *Gossypium hirsutum*, *Avena sativa*, *Hordeum vulgare*, *Triticum aestivum*, *Oryza sativa*, *Phyllostachys edulis*, *Miscanthus* sp., *Panicum virgatum*, *Zea mays*, *Saccharum officinarum*, *Sorghum bicolor* y *Ricinus communis*.
- 35

Figura 1

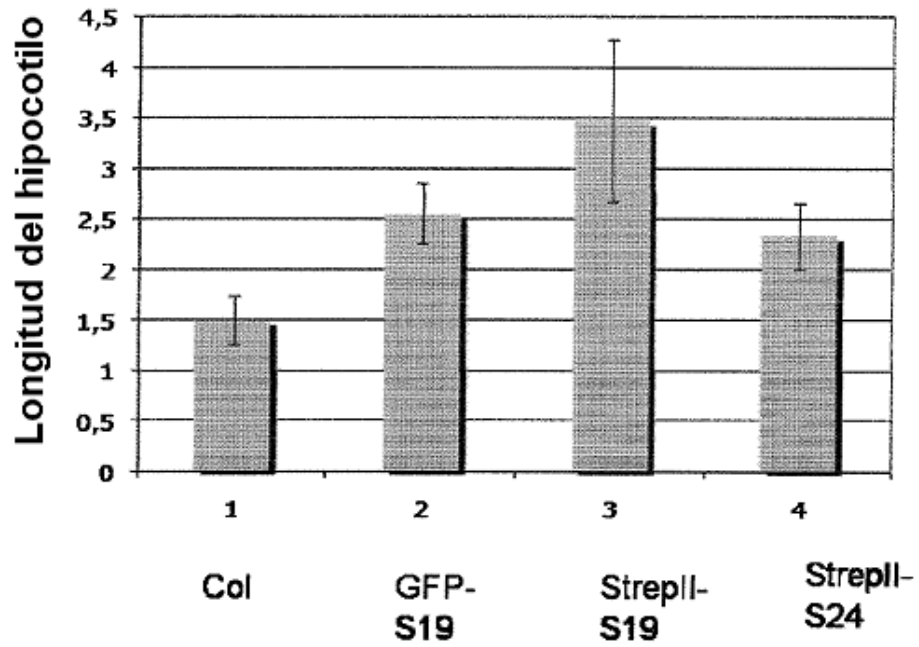


Figura 2

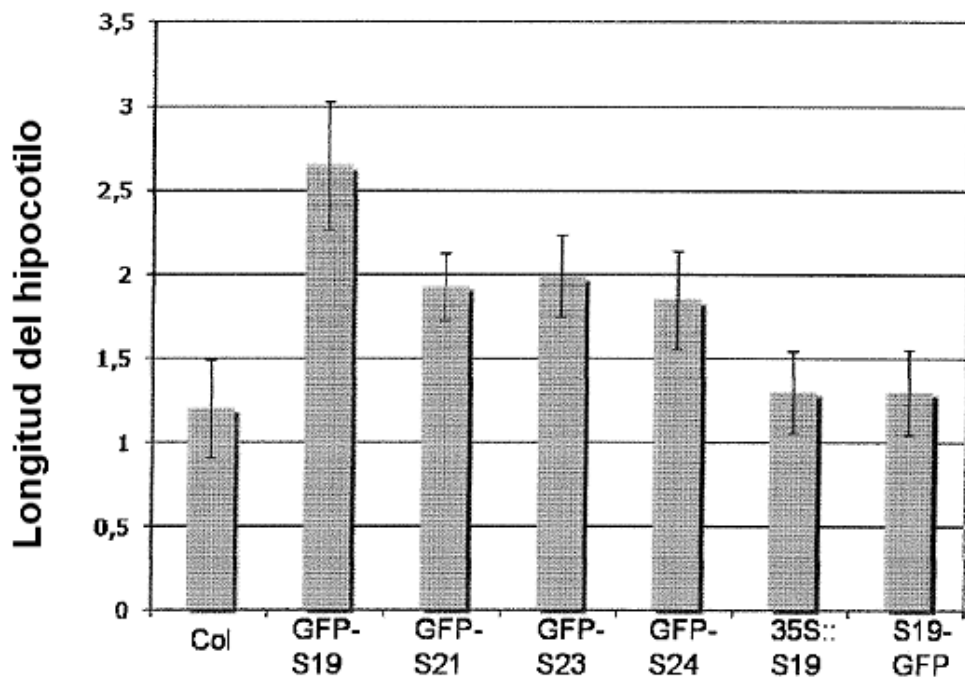


Figura 3

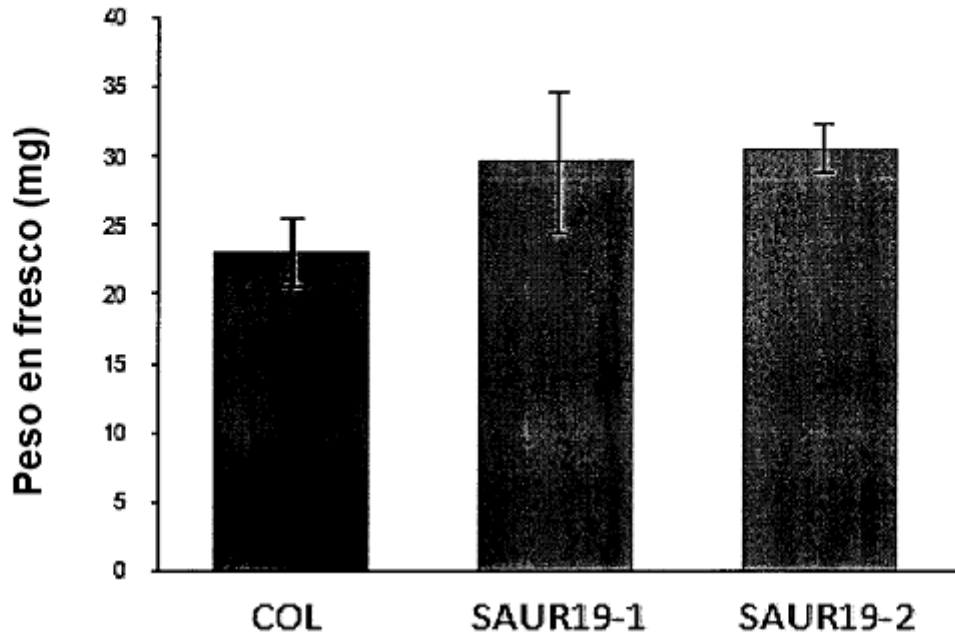


Figura 4

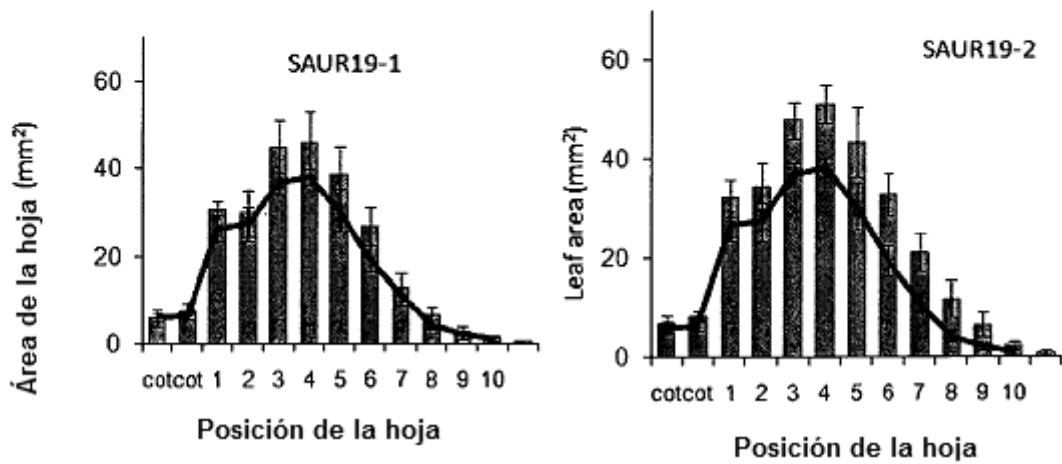
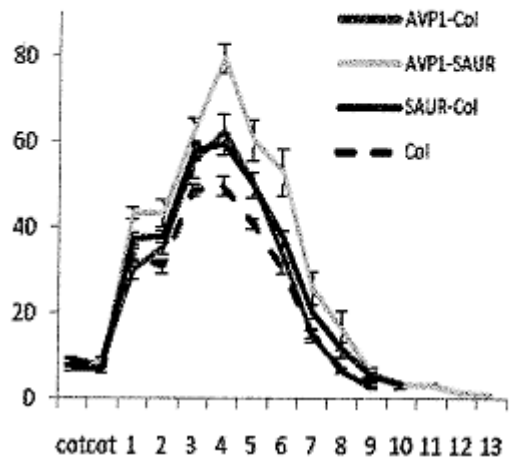
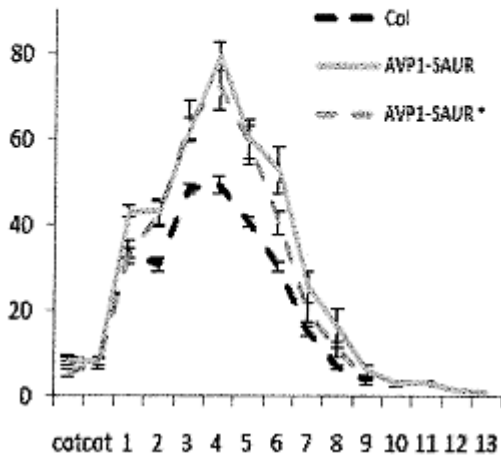


Figura 5

A



B

